

**TEORIA DE MODELOS MISTOS APLICADA  
AO DELINEAMENTO EM BLOCOS  
AUMENTADOS**

**ALADIR HORACIO DOS SANTOS**

**2000**

50362

35418

**ALADIR HORACIO DOS SANTOS**

**TEORIA DE MODELOS MISTOS APLICADA AO  
DELINEAMENTO EM BLOCOS AUMENTADOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Estatística e Experimentação Agropecuária, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. Eduardo Bearzoti

Lavras

MINAS GERAIS – BRASIL

2000

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Santos, Aladir Horacio dos

Teoria de modelos mistos aplicada ao delineamento em blocos aumentados /  
Aladir Horacio dos Santos. -- Lavras : UFLA, 2000.

138 p. : il.

Orientador: Eduardo Bearzoti.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Bloco aumentado. 2. Metodo Blup. 3. Modelo misto. 4. Componente de  
variância. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-311.2

-519.5

-630.2195

**ALADIR HORACIO DOS SANTOS**

**TEORIA DE MODELOS MISTOS APLICADA AO  
DELINEAMENTO EM BLOCOS AUMENTADOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Estatística e Experimentação Agropecuária, para a obtenção do título de ‘Mestre’.

**APROVADA** em 25 de agosto de 2000

**Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira**

**DEX- UFLA**

**Prof. Dr. Júlio Silvio de Sousa Bueno Filho**

**DEX – UFLA**

**Prof. Dr. João Batista Duarte**

**EA – UFGO**



**Prof. Dr. Eduardo Bearzoti**

**DEX – UFLA**

**(Orientador)**

**LAVRAS**

**MINAS GERAIS - BRASIL**

À memória dos meus pais, José Horacio dos Santos e Maria Vitalina dos Santos,  
DEDICO.

Àquele que escolhi como irmão, Eustáquio Alves da Silva, “Taquinho”,  
OFEREÇO.

## AGREDICIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Ciências Exatas, por ter-me dado a oportunidade de crescer.

Ao Prof. Dr. Eduardo Bearzoti, pela orientação, compreensão, disponibilidade, incentivo e sobretudo pela amizade.

Aos Professores: Augusto, Daniel, Delly, Joel, Júlio, Luiz Henrique de Aquino, Lucas, Mário, Thelma pelos ensinamentos e amizade.

À Fundação Educacional Comunitária Formiguense, na pessoa de seu Presidente, Prof. Dr. José Mosart Arantes, pela ajuda financeira.

Ao Prof. Dr. Marco Leão, Diretor da FAFI, pela compreensão.

Ao Prof. Alexandre Pimenta, Diretor da FACIC, e aos monitores: Cristiane, Eduardo e Manoel, pelo apoio nos trabalhos de Simulação de Dados.

Ao Departamento de Ciências Exatas e Biológicas da FAFI, na pessoa da Professora Sebastiana Justina de Jesus, “Tiana”, pelo apoio e incentivo.

À Professora Rosália Vilela, ex-diretora da Escola Estadual Padre Alberto Fuger, pela compreensão e incentivo.

Ao amigo João Luiz da Silva Filho, pela ajuda valiosa.

Aos meus colegas de curso - Ivanir, Carlos, Andreia, Marcelo, Alex, Nagib, Teixeira, Iara, Moisés, Everton, Cristiane, em especial Leticia, Monica, Adriano, Ana Rita e Andrea - pelo convívio saudável e amizade.

Faço agradecimento especial à minha esposa Neide, pela compreensão nos momentos mais difíceis, e a meus filhos Ana Cristina e Alexandre Augusto por compreenderem a minha ausência.

Não posso esquecer-me de agradecer a **DEUS** por proporcionar-me esta oportunidade de crescimento, em um país onde as oportunidades são cada vez mais restritas.

# SUMÁRIO

	<b>Página</b>
<b>RESUMO</b> .....	i
<b>ABSTRACT</b> .....	iii
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2 REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	3
2.1 Delineamentos em Blocos Aumentados.....	3
2.2 Teoria de Modelos Mistos.....	14
2.3 Componentes de Variância.....	32
<b>3 METODOLOGIA</b> .....	41
3.1 Simulação dos Dados.....	41
3.2 Análise Estatística.....	44
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	49
<b>5 CONCLUSÃO</b> .....	59
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	60
<b>ANEXO</b> .....	67
<b>APÊNDICE</b> .....	135

## RESUMO

SANTOS, Aladir Horacio. *Teoria de Modelos Mistos Aplicada ao Delineamento em Blocos Aumentados*. Lavras: UFLA, 2000.138p. (Dissertação – Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária).<sup>1</sup>

Os delineamentos aumentados foram propostos para lidar com situações de baixa disponibilidade de material para compor repetições e parcelas e com grandes quantidades de tratamentos. Dentre eles, o delineamento em blocos aumentados é amplamente utilizado. Nesse delineamento, existem tratamentos repetidos (comuns) e não-repetidos (regulares); em programas de melhoramento, geralmente os últimos são as unidades de seleção e os primeiros são cultivares comerciais. A inferência com esse delineamento tem tradicionalmente sido feita pela análise intrablocos (modelos fixos). No entanto, se os efeitos de tratamentos regulares e/ou de blocos puderem ser considerados de natureza aleatória, um modelo linear misto poderia ser utilizado, particularmente se a matriz de covariâncias genéticas entre as unidades de seleção puder ser levada em conta, utilizando dados de pedigree ou de marcadores moleculares. Com este estudo objetivou-se a avaliação do uso da teoria de modelos mistos para descrever delineamentos em blocos aumentados, e sua eficiência em relação à análise tradicional intrablocos, por meio de simulação em computador. Para tanto, dados eram gerados considerando uma espécie vegetal fictícia com 200 genes independentes controlando uma característica de interesse. Os efeitos dos genes (isto é, metade da diferença entre os homozigotos) eram realizações aleatórias de uma densidade exponencial com média igual a 1. As frequências dos alelos favoráveis de cada loco variou de 0,2 a 0,8. As populações consistiam de conjuntos de linhagens endogâmicas geradas aleatoriamente, com diferentes tamanhos (50, 100 ou 200). Dados moleculares também eram gerados, considerando 100 locos marcadores, de tal forma que as similaridades entre qualquer par de linhagens eram as mesmas para os locos da característica e dos marcadores. Esses dados eram utilizados na estimação da matriz de covariâncias genéticas. As variâncias ambientais eram estabelecidas de acordo com valores de herdabilidade  $h^2$  predeterminadas (0,2, 0,5 ou 0,8) e particionadas em componentes relativos a blocos e ao resíduo, em frações determinadas pela magnitude do coeficiente  $b$  de heterogeneidade de solo de Smith (0,1, 0,5 ou 0,9). Duas quantidades de blocos foram consideradas (0,2 ou 0,05 vezes o número de linhagens). Em cada combinação desses parâmetros, 100 simulações eram feitas, considerando 4 modelos lineares, variando a natureza dos efeitos de bloco e de tratamentos regulares (fixo – F, ou aleatório – A), respectivamente

---

<sup>1</sup> Orientador: Prof. Dr. Eduardo Bearzoti. DEX-UFLA / Co-orientador: Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira. DEX-UFLA

FF, FA, AF e AA. Os efeitos de tais modelos mistos eram estimados utilizando a melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) e, quando pelo menos um desses fatores era tido como aleatório, duas variações eram consideradas, assumindo e não assumindo os componentes de variância como conhecidos. Neste último caso, os componentes eram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando o algoritmo EM. Os modelos mistos foram avaliados por meio do viés, erro quadrático médio, correlações de Pearson e Spearman, e do viés na estimação da porcentagem de linhagens elite, ou seja, superiores à melhor testemunha ou tratamento comum. Os resultados mostraram que os vieses foram negligíveis em todos os modelos. Considerando os demais critérios, na maioria das situações, o modelo AA com componentes de variância conhecidos mostrou-se como o melhor, como teoricamente esperado. Quando os componentes de variância eram estimados, contudo, as correlações de Pearson e Spearman foram maiores com o modelo AF, que é o que recupera a informação interblocos, somente. Por outro lado, o modelo AA geralmente apresentou os menores vieses na estimação de linhagens elites. Comparando com o modelo FF, os modelos mistos (AF ou AA) foram mais eficientes, especialmente sob baixa precisão, ou seja, com herdabilidade baixa a intermediária e alto  $b$  (alta variância residual em relação à variação entre blocos). Sob tais condições, portanto, os resultados sugeriram que modelos mistos podem melhorar a inferência e, portanto, o sucesso de programas de melhoramento, e que a escolha do modelo deve se basear no tipo de seleção. Se esta for truncada, o modelo AF deveria ser preferido; se não for, tal como aquela baseada em relação a uma cultivar comercial, então o modelo AA é mais apropriado, justificando os custos de geração de dados moleculares.

## ABSTRACT

**SANTOS, Aladir Horacio. Mixed Models Theory in Augmented Block Design. Lavras: UFLA 2000. p138 (Dissertation – Master degree in Statistical and Agricultural Experimentation)<sup>1</sup>**

Augmented designs were proposed to deal with low availability of material to constitute replications and experimental plots, and with large amounts of treatments. Amongst them, augmented block design is largely used. In this design, there are replicated (common) and non-replicated (regular) treatments; in breeding programs the latter are often the selection units and the former standard cultivars. Inference has traditionally been made by means of an intrablock analysis (fixed models). If regular treatments and/or blocks can be considered of random nature, however, a mixed linear model could be used instead, specially if genetic covariance matrix among selection units can be assigned, from pedigree information or molecular marker data. This work aimed at the evaluation of the use of mixed models to describe augmented block designs, and their efficiency over traditional intrablock analysis, using computer simulation. Data were generated considering a fictitious plant species with 200 independent genes controlling a trait of interest. Gene effects (that is, half the difference among homozygotes) were random outcomes from an exponential density with mean equal to 1. Frequencies of favorable allele of each locus ranged from 0.2 to 0.8. Populations consisted of sets of randomly generated inbred lines, with different sizes (50, 100 or 200). Molecular data were also generated, considering 100 marker loci, in such a way that expected similarities between any pair of lines were the same for trait and marker loci. Such data were used in the estimation of the genetic covariance matrix. Environmental variances were established according to predetermined heritabilities  $h^2$  (0.2, 0.5 or 0.8) and split into block and residual components with weights determined by the magnitude of Smith's coefficient  $b$  of soil heterogeneity (0.1, 0.5 or 0.9). Two amounts of blocks were considered (0.2 or 0.05 the number of lines). In each combination of such parameters, 100 simulations were made, considering four linear models, varying the nature of block and regular treatment effects (fixed - F, or random - R), respectively FF, FR, RF and RR. The effects of such mixed

---

<sup>1</sup> Adviser: Prof. Dr. Eduardo Bearzoti. DEX-UFLA / Co-Adviser: Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira. DEX-UFLA

models were estimated using best linear unbiased prediction (BLUP) and, when at least one of those factors was regarded as random, two variants were considered, assuming or not variance components as known. In the latter, components were estimated by restricted maximum likelihood, using the EM algorithm. The mixed models were evaluated through bias, mean squared error (MSE), Pearson's and Spearman's correlation, and bias on estimating the actual percentage of elite lines, that is, those superior to best common treatment ("elite bias"). Results showed that biases were negligible for all models. Considering the other criteria, for most situations the RR model with known variance components was the best, as theoretically expected. When variance components were estimated, however, correlation of Pearson and that of Spearman were highest with RF model, which is that with recovery of interblock information only. On the other hand, RR model generally showed the least elite biases. Comparing to FF, mixed models (RF or RR) were more efficient specially under lower precision, that is, low to intermediate heritability and high  $b$  (high residual variance in relation to block differences). Under such conditions, therefore, results suggested that mixed models could improve inference in breeding programs and that the choice of the model should rely on the kind of selection. If this is truncated, RF model should be preferred; if this is not, such as that based on the performance of check varieties, then RR would be more suitable, justifying the costs of generating molecular data.

## 1 INTRODUÇÃO

Os delineamentos aumentados foram propostos por Federer (1956) como uma alternativa em situações com limitação de material para compor repetições, bem como grande quantidade de tratamentos. Eles consistem em uma adaptação de delineamentos padrões, de uso generalizado, de modo a conter tratamentos não repetidos, denominados tratamentos regulares, em adição aos tratamentos com repetição, próprios do delineamento original, denominados comuns. Dentre os delineamentos aumentados, o delineamento em blocos aumentados é talvez o mais utilizado, e a inferência tem sido feita tradicionalmente por meio de uma análise intrabloco (ou seja, considerando os efeitos de tratamentos e de blocos como fixos).

No melhoramento genético vegetal, esse enfoque pode não ser o mais adequado, pois em muitos casos o delineamento é utilizado de tal forma que os tratamentos regulares correspondam a unidades de seleção amostradas de uma população de referência. Pode ser igualmente interessante a recuperação da informação sobre tratamentos entre os blocos (interblocos), mesmo que estes não tenham sido rigorosamente aleatorizados no campo experimental. Assim, a chamada teoria de modelos mistos, que considera em um mesmo modelo tanto efeitos fixos como aleatórios, pode ser aplicada ao delineamento em blocos aumentados, considerando como de natureza aleatória os efeitos de blocos e/ou os efeitos de tratamentos regulares. Em programas de melhoramento genético vegetal, os efeitos de tratamentos comuns são, na maioria dos casos, tidos como fixos, por estes se constituírem de variedades comerciais ou testemunhas.

Se os tratamentos regulares são considerados aleatórios, um aumento de precisão poderia ainda ser obtido ao se conhecer a matriz de covariâncias entre seus efeitos. No melhoramento genético vegetal, se tais tratamentos são materiais genéticos, tal matriz pode ser obtida por informações de parentesco, ou

de dados de marcação molecular, que permitem quantificar a similaridade genética entre os tratamentos regulares. Essa é uma maneira de se praticar seleção assistida por marcadores relativamente simples, por não estar necessariamente baseada em associações entre genes da característica de interesse e locos marcadores, e assim não há a obrigatoriedade de se gerar populações em desequilíbrio de ligação. Para quantificar similaridades genéticas, marcadores de custo baixo e geração relativamente simples podem ser utilizados, como o chamado “RAPD”.

Embora já exista relato na literatura sobre o uso da teoria de modelos mistos no delineamento em blocos aumentados, seria interessante avaliar sua eficiência nessas situações em que as covariâncias entre os efeitos de tratamentos regulares são não nulas e podem ser estimadas. Para tanto, a simulação em computador corresponde a uma ferramenta poderosa, pois permite fazer essa avaliação em uma gama variada de condições.

Face ao exposto, este trabalho teve por objetivo o estudo e a avaliação da teoria de modelos mistos aplicada ao delineamento em blocos aumentados, considerando tratamentos regulares como unidades de seleção em um programa de melhoramento, utilizando matrizes de covariâncias genéticas entre tais tratamentos, estimadas por meio marcadores moleculares.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Delineamento em Blocos Aumentados

Segundo Federer (1956), em programas de melhoramento de plantas da estação experimental de Hawaiian Sugar Planter's Association (HSPA), em virtude da escassez de material de propagação, do tamanho das parcelas e da grande quantidade de tratamentos (clones de cana-de-açúcar), não era possível haver repetições. Para contornar essa limitação, o autor desenvolveu uma adaptação dos delineamentos existentes (blocos completos, quadrados latinos, etc), de modo a conter tratamentos adicionais, não-repetidos, denominando-os de aumentados. Os delineamentos aumentados, sejam blocos casualizados ou quadrados latinos, apresentam um conjunto de tratamentos comuns, repetidos  $b$  vezes, e um outro conjunto de tratamentos regulares que aparecem uma vez só. Nos delineamentos padrões, a análise de variância é feita com os tratamentos comuns, enquanto nos delineamentos aumentados é feita com os tratamentos comuns e regulares simultaneamente. Um número elevado de tratamentos poderia ser analisado sem repetição, o que, se por um lado aumenta o erro-padrão de suas médias, por outro, possibilita a avaliação de um número muito maior de tratamentos em relação aos delineamentos convencionais.

No delineamento em blocos casualizados aumentados (DBCA) com  $v$  tratamentos comuns repetidos em  $b$  blocos, e com  $v'$  tratamentos regulares, a área total é dividida em  $N$  parcelas, tal que  $N = bv + v'$  e os tratamentos são distribuídos completamente ao acaso.

A casualização no DBCA é feita da seguinte maneira:

1) distribuem-se aleatoriamente os tratamentos comuns nas parcelas do bloco 1. Esse processo é repetido para o restante dos blocos, fazendo uma nova casualização de cada vez;

2) distribuem-se aleatoriamente os tratamentos regulares nas parcelas restantes .

Caso seja necessária uma certa flexibilidade quanto ao controle local, podem haver pequenas alterações quanto ao tamanho dos blocos, o que confere maior facilidade de planejamento e condução; além disso, a análise é possível mesmo que haja alguma perda de tratamentos.

O autor recomenda, caso haja material suficiente de alguns tratamentos regulares em quantidade para duas ou mais parcelas, que se faça a distribuição em blocos diferentes para garantir maior eficiência. Não é necessário que em um delineamento aumentado os tratamentos regulares tenham uma única repetição; também o balanceamento dos tratamentos comuns não é necessário, podendo ocorrer em proporções diferentes.

Federer (1956) apresenta expressões para a realização de análise de variância de delineamentos com controle local em uma direção, incluindo tanto blocos completos como incompletos. Federer, Nair e Raghavarao (1975) estenderam a análise para casos com controle local em mais de uma direção. Federer e Raghavarao (1975) apresentam expressões para se estimar variâncias de diferenças entre médias de tratamentos em alguns delineamentos aumentados, com controle local tanto em uma como em duas direções. O trabalho se limitou somente à análise intrablocos.

No caso do delineamento em blocos aumentados, fica claro que se trata de um delineamento em blocos incompletos com algumas especificidades, como a de que alguns tratamentos não são repetidos.

Uma metodologia para a construção dos delineamentos em blocos incompletos, apresentando tratamentos com diferentes números de repetições, em que a exatidão das comparações entre alguns pares de tratamentos depende somente do número de repetições e não da escolha do par de tratamentos do grupo de pares repetidos similarmente, foi proposta por Corsten (1962).

Um delineamento aumentado modificado (MAD-1), dispendo os tratamentos comuns de maneira regular nas linhas e colunas, ao invés de aleatorizados, foi proposto por Lin e Poushinsky (1983). Nesse delineamento, os tratamentos regulares seriam alocados ao redor dos tratamentos comuns em número de 3, num esquema de parcelas subdivididas e apresentando um formato quadrado (3x3). Assim, estabelece-se uniformidade entre os tratamentos comuns e as 8 subparcelas adjacentes e a homogeneidade da correlação entre parcelas é mantida. Desse modo, buscou-se maximizar o ajustamento dos efeitos dos tratamentos regulares, retirando ao máximo os efeitos ambientais dos valores fenotípicos.

Um novo delineamento aumentado modificado (MDA-2) foi apresentado por Lin e Poushinsky (1985) para o plantio de alguns tipos de cereais e de soja que são plantados em linhas paralelas. Utilizando um delineamento 5x6 e 12 conjuntos de dados hipotéticos, os autores procuraram determinar um método de ajustamento baseado na análise de variância das parcelas dos tratamentos comuns e na estimativa da eficiência relativa do método, concluindo que a escolha de correção baseada na análise de variância é satisfatória e, embora as estimativas relativas tenham diferido dos valores populacionais, esses valores podem ser considerados praticamente idênticos. As modificações propostas pelos autores têm por objetivo garantir validade ao ajustamento de observações pelas parcelas de tratamentos comuns, quando essas são distribuídas regularmente no campo experimental.

Vários pesquisadores têm usado os delineamentos aumentados propostos pelos autores acima. "Rheenen et al. (1994) comparam, por simulação, um delineamento aumentado duplicado (DAD), consistindo de dois conjuntos de delineamentos aumentados (AD), com um delineamento em blocos completos casualizados (RCBD) e um delineamento em blocos incompletos (IBD). Nos AD's, três testemunhas foram dispostas em cada bloco, uma de forma regular e

duas de forma aleatória, o que permitiu o ajustamento para os efeitos de blocos. Os resultados mostraram que: i) o IBD demanda menos entradas e é mais eficiente do que o DAD; ii) o uso de DAD's ou AD (não-repetidos) com tratamentos comuns distribuídos regularmente é questionável, pois não fornece maiores informações do que conjuntos de parcelas sem tratamentos comuns repetidos e pode custar 20% mais do que tratamentos comuns aleatórios. Rheenen et al. (1990) também já haviam concluído que RCBD seriam preferíveis em relação ao desenho DAD, em função de seus coeficientes de variação” (Duarte, 2000). Outros autores utilizaram os delineamentos aumentados mencionados acima, como Pereira et al. (1994) e Rousselle e Rousselle (1995), em seleção eficiente de clones de batata, Pecetti et al. (1995), em seleção de germoplasma de trigo; May e Kozub (1995) na seleção de linhagens (F<sub>7</sub> e F<sub>9</sub>) de cevada .

Uma situação que guarda notável semelhança com os delineamentos aumentados, por causa da condição de desbalanceamentos, é a da análise conjunta de experimentos, pois não é raro que nem todos os tratamentos sejam comuns a todos os experimentos.

Uma análise intrablocos de um grupo de experimentos em blocos completos casualizados, em que os grupos apresentam os mesmos tratamentos (tratamentos comuns) e tratamentos específicos (tratamentos regulares) para cada grupo, foi proposta por Pimentel Gomes e Guimarães (1958). Os autores consideraram g diferentes experimentos em blocos com r repetições e  $k = z + c$  tratamentos por experimento, sendo z o número de tratamentos regulares e c o de tratamentos comuns. Sendo assim, o número total de tratamentos é dado por  $v = gz + c$ . A análise desse delineamento é um caso particular de blocos incompletos equilibrados intra e intergrupos e o conjunto de experimentos pode ser analisado conjuntamente, admitindo-se que apresentassem variâncias semelhantes.

A análise de variância corresponde a uma situação em que o número de repetições e o número de tratamentos regulares poderiam variar de um experimento para outro foi apresentada por Pimentel Gomes (1970), quando se incluem  $g$  experimentos em blocos completos casualizados, com o  $i$ -ésimo experimento recebendo  $z_i$  tratamentos regulares e também  $c$  tratamentos comuns com  $r_i$  repetições.

Um método simplificado para obtenção dos efeitos dos tratamentos ajustados para efetuar a análise conjunta de um grupo de experimentos, quando esses individualmente tinham sido planejados em delineamento de blocos incompletos equilibrados, foi proposto por Pavate (1961).

Nogueira (1976) apresenta esquemas de análise conjunta de delineamentos em blocos aumentados em vários ambientes, quando tratamentos e ambientes são ortogonais entre si, com o objetivo de observar, de uma maneira geral, o comportamento dos tratamentos estudados e, entre eles, apontar o melhor (ou os melhores) em todas as regiões observadas. A autora considerou que cada experimento apresentou os mesmos  $t = c + z$  tratamentos, distribuídos em  $r$  blocos com os  $c$  tratamentos comuns aparecendo nos  $r$  blocos e os  $z$  tratamentos regulares aparecendo uma única vez nos  $r$  blocos.

Gonçalves (1984) comparou diversas metodologias de estimação de componentes de variância na análise de delineamentos em blocos aumentados, em que os tratamentos comuns são de efeito fixo e os restantes de efeito aleatório. Por simulação, a autora comparou quatro métodos de estimação de componentes de variância, a saber: Henderson-3, Máxima Verossimilhança (MV), Máxima Verossimilhança Restrita (MVR) e MIVQUEØ (MIVQUE, com valores, a priori, iguais a:  $\sigma^2_G = 0$  e  $\sigma^2_e = 1$ ), que permitiram a estimação de parâmetros de interesse genético, como, por exemplo, a herdabilidade. Avaliando dados simulados e dados reais, a autora concluiu que, para grandes números de observações, o método MV foi melhor; para experimentos de

tamanho médio, o MIVQUEØ e o MV apresentam desempenho similar; para experimentos menores (N=107), as estimativas de MVR são comparáveis em qualidade com as de MIVQUEØ e MV. O método de Henderson-3 foi, em geral, inferior aos demais. Tais conclusões mostram-se válidas desde que a variância genética seja superior à ambiental. Em se tratando de dados reais, não existiram grandes diferenças entre as estimativas obtidas pelos diferentes métodos.

Silva (1987) apresentou a análise de covariância para delineamento em blocos completos aumentados, motivado pela escassez de bibliografia e pela importância do delineamento no melhoramento da cana-de-açúcar. O autor determinou o sistema de equações normais, os estimadores dos efeitos dos parâmetros, as somas de quadrados e suas esperanças matemáticas, as distribuições das formas quadráticas e um quadro da análise de covariância para o qual usou a notação de Pimentel Gomes (1985). Com um exemplo numérico, o autor mostra que o modelo permitiu a estimação dos efeitos de tratamentos ajustados para blocos e regressão.

Vizoni (1984) apresentou a análise de experimento em blocos casualizados completos aumentados, com parcelas subdivididas no tempo, tendo por finalidade principal a aplicação em experimentos agrônômicos, com culturas perenes, aproveitando as produções de anos sucessivos. Segundo o autor, quando se trabalha com parcelas subdivididas no tempo, não é raro encontrar correlações diferentes entre duas subparcelas de uma mesma parcela.

Baseando-se nos trabalhos de Pimentel Gomes (1967), para blocos incompletos balanceados, e no trabalho desenvolvido por Lemma (1981), sobre parcelas subdivididas, Vizoni (1984) determinou o sistema de equações normais, as somas de quadrados dos parâmetros, as matrizes de dispersão e os critérios para as comparações múltiplas pelo teste de Tukey. O autor concluiu que, a análise de delineamento aumentados no esquema de parcelas subdivididas no tempo é perfeitamente viável; que a análise deve ser feita após o teste da

homogeneidade e uniformidade de variância; e que quando os tratamentos regulares aparecem somente uma vez em todo o experimento, os resíduos podem ser obtidos pelos valores singulares da matriz uniforme da análise feita somente com os tratamentos comuns ou da análise do modelo adotado.

Oliveira e Barbin (1988) apresentaram um método geral de análise intrablocos para o caso de um ensaio em reticulado quadrado aumentado pela adição de alguns tratamentos comuns a todos os blocos. Os tratamentos do delineamento inicial foram designados de tratamentos regulares, e os adicionados aos blocos, de tratamentos comuns. Os parâmetros do delineamento inicial foram definidos como:  $k$  (número de parcelas por bloco),  $v = k_2$  (número de tratamentos regulares),  $b$  (número de blocos),  $i$  (número de repetições ortogonais),  $n$  (número de vezes que as repetições ortogonais são repetidas) e  $r = n_i$  (número de repetições dos tratamentos). A inclusão de  $c$  tratamentos comuns em cada bloco resultou em um delineamento aumentado, com os seguintes parâmetros:  $v' = v + c$  (número total de tratamentos),  $b$  (número de blocos),  $k' = k + c$  (novo número de parcelas por bloco),  $r'$  (número de repetições de cada tratamento) e  $uu'$  (número de blocos onde os tratamentos  $u$  e  $u'$  ocorrem juntos). Foram determinadas as expressões para as várias somas de quadrados na análise de variância, as médias de tratamentos ajustadas para blocos e a variância do estimador de um contraste entre duas médias de tratamentos.

Os delineamentos experimentais: blocos completos casualizados aumentados, blocos completos casualizados e látice simples tiveram suas eficiências comparadas por Sahagun e Frey (1991) na avaliação de linhagens de aveia. Os autores concluíram que blocos completos casualizados aumentados e látices simples, para efeito de seleção, são similares aos blocos completos casualizados, com diferença mínima entre si.

Bearzoti (1994), avaliando clones de batata nas fases iniciais de um programa de melhoramento, instalou dois delineamentos dispostos lado a lado: o

primeiro, um látice duplo 10x10, e o segundo, um delineamento em blocos aumentados (duas testemunhas, com duas repetições por bloco, nove tratamentos regulares não repetidos e dez blocos), que teve por tratamentos comuns as cultivares Achat e Baraka. Essas cultivares foram dispostas de três em três parcelas igualmente espaçadas. Foram avaliadas também as metodologias de médias móveis e de testemunhas intercalar, para o ajuste das observações. O autor conclui que os delineamentos apresentaram coeficiente de variação e de herdabilidade muito próximos; que o delineamento em blocos aumentados foi mais eficiente que o látice em relação ao custo, já que demandou uma área experimental 28% menor, com uma redução proporcional dos outros recursos (adubação, defensivos, etc), e que o delineamento em blocos aumentados conferiu maiores facilidades de planejamento e condução, pela maior flexibilidade quanto ao número de tratamentos e sem comprometer a análise estatística pelo descarte ou perda de parcelas. O autor sugere, em se tratando de delineamento em blocos aumentados, que as variâncias genéticas estimadas sejam possivelmente subestimadas na análise intrablocos, sugerindo que seja aproveitada a informação interblocos.

A esse respeito, é interessante observar que, desde a proposta original de Federer dos delineamentos aumentados, nos anos 50, até a década de 90, houve um forte predomínio de enfoques baseados na análise intrablocos, principalmente em consequência da limitação computacional e da falta de clareza em como recuperar a informação interblocos em tais delineamentos, algebricamente. No entanto, como Robinson (1991) aponta, utilizando a teoria de modelos mistos (a ser tratada no item 2.3), essa recuperação consiste em um modelo que considera efeitos de blocos como aleatórios e de tratamentos como fixos. Se esses forem de natureza aleatória, também é similarmente possível recuperar a informação intertratamentos.

Até que houvesse disponibilidade e ampla divulgação de recursos computacionais para a recuperação de informação em delineamentos aumentados, alguns procedimentos aproximados foram propostos, como descritos por Momenté (1994) e Barbosa (1996).

Momenté (1994), comparando diferentes tipos de famílias clonais para o melhoramento da batata, utilizou um delineamento em blocos aumentados com cerca de 10 tratamentos regulares por bloco e dois tratamentos comuns (Agrida e Achat) em dois locais. O efeito de clone foi considerado aleatório, desdobrando a variação entre eles em três tipos de famílias. Foram obtidas as análises de variâncias intrablocos para todos os caracteres avaliados. A partir dessas retirou-se as variâncias das diferenças entre médias ajustadas dos tratamentos regulares e calculou-se um quadrado médio do resíduo efetivo, os quais foram usados para compor uma nova análise de variância. Esse enfoque consiste em uma adaptação do cálculo de resíduo efetivo por vezes feito em análises conjuntas.

Barbosa (1996) empregou um delineamento de blocos aumentados para avaliar 817 clones de batata, provenientes de 42 famílias híbridas. Cada bloco foi constituído de 15 tratamentos regulares e dois tratamentos comuns, com parcelas de uma única linha de cinco plantas. Para recuperar aproximadamente a informação interblocos, o autor obteve, após a análise intrablocos, uma estimativa do erro efetivo (Ferreira, 1995; citado por Barbosa, 1996). De posse das médias ajustadas (intrablocos), determinou, então, uma nova soma de quadrados de tratamentos, bem como o quadrado médio correspondente.

Souza (1997) comparou alternativas experimentais na avaliação de progênies em programas de melhoramento genético vegetal, com o objetivo de estudar a viabilidade do uso do delineamento em blocos aumentados, avaliando experimentos independentes de feijão e eucalipto. A autora constatou que o emprego do delineamento em blocos aumentados é viável para a seleção de progênies nas etapas iniciais dos programas de melhoramento genético, desde

que se aplique uma intensidade de seleção moderada, e que o delineamento em blocos aumentados não se mostrou apropriado para a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, em virtude da baixa precisão das estimativas.

Rios (1997) apresentou alternativas de procedimentos estatísticos para avaliação de genótipos em programas de melhoramento genético vegetal, trabalhando com a cultura do feijão. Submeteu os dados de produção à análise de variância, considerando-se os seguintes procedimentos: látices, blocos aumentados, blocos casualizados, testemunha intercalar e método das médias móveis. A autora concluiu que o emprego do delineamento em blocos aumentados é viável para seleção de progênies em etapas iniciais de programa de melhoramento de plantas, mas não se mostrou apropriado para estimação de parâmetros genéticos, por causa da baixa precisão das estimativas.

Com a maior disponibilidade de recursos computacionais, vários pesquisadores vêm sugerindo programas cada vez mais eficientes para realização de análises de delineamentos em blocos aumentados. Scott e Milliken (1993) mostram, por meio de um exemplo, uma rotina composta por uma série de comandos para a obtenção da análise de variância, de testes de hipóteses, médias de tratamentos ajustados para as análises intra e interblocos de um delineamento de blocos casualizados aumentados. Os autores usaram os procedimentos (“proc”) GLM e MIXED do SAS para compor essas rotinas. Marcos (1994) apresentou a análise de grupos de experimentos em blocos completos aumentados, também por meio do pacote computacional SAS, considerando a análise individual e conjunta do delineamento. A autora apresentou os quatro tipos de funções estimáveis e concluiu que a soma de quadrados tipo I não era a mais indicada para o delineamento em blocos aumentados, sendo a soma de quadrados tipo III a mais indicada, desde que a estatística F fosse obtida pela opção TEST do comando RANDOM da proc GLM do SAS. Os exemplos usados por ela continham apenas efeitos fixos, o

que a levou a usar a análise intrablocos. Tais exemplos também foram considerados balanceados, o que provavelmente resultou na igualdade das funções estimáveis e somas de quadrados tipos II, III e IV. Boyle e Montgomery (1996) relatam que é possível fazer análises intrablocos e interblocos usando os procedimentos GLM e MIXED do SAS. Comentam que os delineamentos em blocos aumentados não passam de casos particulares de delineamentos em blocos incompletos e que se o número de blocos não for maior do que o número de tratamentos, a análise interblocos não será satisfatória para a interpretação dos dados. Wolfinger e et al. (1997), utilizando os procedimentos GLM e MIXED do SAS, mostram rotinas para recuperar a informação interblocos e intervarietais, quando blocos e variedades são de efeitos aleatórios. Os autores comentam que essas rotinas estão disponíveis para análise de delineamentos aumentados com a recuperação interblocos, interlinhas, intercolunas e/ou intervarietais. Afirmam que a recuperação da informação associada aos efeitos aleatórios conduzem a análises mais eficientes dos dados experimentais e, conseqüentemente, o uso mais eficiente de recursos experimentais.

Recentemente, Duarte (2000) fez um estudo bastante abrangente do delineamento em blocos aumentados, destacando aspectos estatísticos e sua utilização no melhoramento genético vegetal. Nesse contexto, os tratamentos são tidos como de natureza aleatória. O autor evidenciou que nesses casos, quando a recuperação da informação intergenotípica é feita, pelo uso da teoria de modelos mistos, em geral ocorre uma tendência de as médias ajustadas de tratamentos apresentarem uma menor dispersão em torno da média geral, em relação às médias ajustadas, considerando a análise intrablocos. Este fenômeno é conhecido como efeito “shrinkage”, e reflete uma distribuição mais acurada dos efeitos genéticos, se a pressuposição de aleatoriedade for válida. O autor verificou que, ao recuperar essa informação com a abordagem de modelos mistos, esse efeito pode ser pronunciado, ainda que o ordenamento das médias ajustadas seja

semelhante ao da análise intrablocos. Pode-se sugerir, com base nesse estudo, que se a seleção foi truncada (isto é, baseada em uma porcentagem de genótipos superiores), a recuperação da informação intergenotípica seria pouco eficaz. No entanto, se a seleção for baseada em relação a um valor de referência, como o desempenho de uma cultivar comercial (conforme o programa de seleção abordado pelo autor), então a recuperação é apropriada.

Duarte (2000) demonstrou ainda que se os tratamentos estiverem distribuídos em diferentes grupos genéticos, o efeito shrinkage em cada grupo pode levar a expressivas mudanças de ordenamentos, considerando o conjunto total dos tratamentos. Outros aspectos estudados pelo autor, relacionados ao delineamento em blocos aumentados, foram a modelagem da variabilidade espacial, considerando dependência residual (levando a um aumento de precisão) e a avaliação de métodos de estimação de componentes de variância, ao se considerar tratamentos de natureza aleatória com o delineamento em blocos aumentados.

## **2.2 Teoria de Modelos Mistos**

Em muitas áreas do conhecimento, bem como em ciências agrárias, é comum o interesse no estudo de relações funcionais entre variáveis, sejam elas de natureza qualitativa ou quantitativa. Daí a necessidade de modelos matemáticos determinísticos ou não, para explicar as observações de uma variável, dita dependente, por meio de efeitos diferenciais que se atribuem a outra série de variáveis, ditas independentes ou parâmetros do modelo. Esses modelos podem apresentar efeitos de natureza fixa ou aleatória. Serão chamados de modelos fixos se apresentarem todos os efeitos fixos, com exceção de um efeito denominado erro experimental, que é de natureza aleatória. Se apresentarem todos os efeitos aleatórios, com exceção de uma constante, são

ditos modelos aleatórios. Se, no entanto, apresentarem efeitos fixos e aleatórios, são denominados modelos mistos.

A definição de um modelo como fixo, aleatório ou misto está associada à possibilidade de estimar parâmetros do modelo ou de se prever o comportamento de suas variáveis aleatórias para um conjunto de observações; isso porque se diz que os parâmetros populacionais (esperança de efeitos fixos e variâncias populacionais de variáveis aleatórias) são estimáveis, enquanto as variáveis aleatórias podem ser preditas, mas não estimadas, pois não possuem valor fixo "per se"; mas numa amostra dos seus possíveis valores, pode-se obter indicadores de sua esperança, conhecendo-se sua distribuição e na suposição de o efeito aleatório estar correlacionado ao caráter observado (White & Hodge, 1989).

Na análise dos modelos fixos devem-se estimar os efeitos fixos, enquanto os modelos aleatórios prestam-se para estimar os componentes da variância (das variáveis aleatórias), bem como para a predição das variáveis aleatórias. Ou seja, os modelos mistos podem servir tanto à estimação de médias de um modo mais preciso (modelo generalizado, levando em conta a influência dos componentes da variância), e à estimação dos componentes da variância, como ainda para a predição (Bueno Filho, 1997).

A predição é normalmente associada com o resultado de eventos futuros. No presente contexto, a predição refere-se à estimação do valor de uma variável aleatória selecionada de uma amostra de uma população com matrizes de variâncias e covariâncias conhecidas.

O modelo misto é escrito como:

$$y = Xb + Zu + e$$

em que:

$y$  é um vetor  $n \times 1$  de observações

$b$  é um vetor  $p \times 1$  de efeitos fixos desconhecidos

$u$  é um vetor  $qx1$  de efeitos aleatórios desconhecidos

$e$  é o vetor de erros aleatórios;  $e$

$X$  e  $Z$  são matrizes conhecidas de ordem  $n \times p$  e  $n \times q$  respectivamente, que relacionam os elementos de  $b$  e  $u$  com os elementos de  $y$ .

Os elementos de  $b$  são considerados de efeitos fixos, enquanto os elementos de  $u$  são considerados de efeitos aleatórios para uma população de efeitos aleatórios com certas matrizes de variâncias e covariâncias. Os vetores  $b$  e  $u$  podem ser particionados, dependendo da situação.

Em geral, pressupõe-se que:

$$E(u) = 0$$

$$E(e) = 0 \quad e \quad Cov(u,e) = Cov(e,u) = 0$$

Decorrendo daí, que:

$$E(y) = E(Xb + Zu + e) = E(Xb) + E(Zu) + E(e) = XE(b) + ZE(u) + E(e) = Xb + Z0 + 0 = Xb$$

A matriz de variâncias e covariâncias de  $y$  é tipicamente representada como:

$$V \begin{pmatrix} u \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{pmatrix},$$

sendo  $G$  e  $R$  matrizes simétricas e positivas definidas.

Conseqüentemente, conforme Schaeffer (1999):

$$\begin{aligned} \text{Var}(y) &= \text{Var}(Xb + Zu + e) = \\ &= \text{Var}(Zu + e) = \\ &= Z\text{Var}(u)Z' + \text{Var}(e) + Z\text{Cov}(u,e) + \text{Cov}(e,u)Z' = \\ &= ZGZ' + R, \quad \text{sob } \text{Cov}(u,e) = 0 \end{aligned}$$

e

$$\text{Cov}(y,u) = ZG$$

$$\text{Cov}(y,e) = R$$

se  $u$  é particionado em  $s$  fatores como:

$$u' = (u'_1 \quad u'_2 \quad \dots \quad u'_s),$$

então:

$$Var(u) = Var \begin{pmatrix} u_1 \\ u_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ u_s \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G_{11} & G_{12} & \cdot & \cdot & \cdot & G_{1s} \\ G'_{12} & G_{22} & \cdot & \cdot & \cdot & G_{2s} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ G'_{1s} & G'_{2s} & \cdot & \cdot & \cdot & G_{ss} \end{pmatrix}.$$

Existem três classes de preditores (Henderson, 1984), que são definidas como Melhor Preditor (BP), Melhor Preditor Linear (BLP) e Melhor Preditor Linear Não-Viesado (BLUP).

A predição referida aqui é a de qualquer combinação linear  $W$  dos parâmetros do modelo  $K'b + M'u$ , sendo  $K$  e  $M$  matrizes conhecidas de contrastes estimáveis.

O melhor preditor, em qualquer tipo de modelo, requer que a distribuição das variáveis aleatórias seja conhecida (bem como as médias da distribuição). Então, o melhor preditor é a média condicional do preditor dado um vetor de observações, isto é,  $E(k'b + M'u | y)$ , que não é tendencioso e tem o menor erro quadrático médio de todos os preditores, daí a palavra melhor. A forma de calcular o preditor depende da distribuição de  $y$ , podendo ser linear ou não linear.

A obtenção do melhor preditor pode ser muito difícil; então, o preditor pode ser restrito a uma função linear de  $y$ . Desta maneira, ao minimizar o erro quadrático médio de predição, obtém-se uma solução que independe da distribuição de  $y$ ; somente necessita-se conhecer os primeiros e segundos

momentos de  $y$ . Se a média é  $Xb$  e a variância é  $\text{Var}(y)=V$ , então mostra-se que o melhor preditor é  $K'b + C'V^{-1}(y - Xb)$  sendo

$$C' = \text{Cov}[(K'b + M'u), y].$$

Quando  $y$  tem distribuição normal multivariada, então o melhor preditor linear é o mesmo que o melhor preditor.

A pressuposição do conhecimento dos primeiros e segundos momentos é muito rígida (ou mesmo irreal). Uma maior flexibilidade pode ser obtida admitindo o vetor de médias desconhecido. A minimização conjunta do erro quadrático médio de predição, com a restrição de não tendenciosidade, conduz ao chamado melhor preditor linear não-tendencioso (BLUP de  $W$ ).

A obtenção do BLUP começa por igualar as esperanças do preditor e a da quantidade a ser predita para garantir a não-tendenciosidade. Assim,  $\hat{w}$  pode ser expresso como  $L'y$ , tendo-se

$$E(\hat{w}) = E(L'y) = L'Xb$$

$$E(W) = E(K'b + M'u) = K'b$$

então, igualando essas esperanças, deve-se satisfazer:

$$L'X = K' \quad \text{ou} \quad L'X - K' = 0.$$

O erro quadrático médio de predição em função da não-tendenciosidade é dado por: (Schaeffer, 1999)

$$\begin{aligned} \text{Var}(W - \hat{w}) &= \text{Var}(K'b + M'u - L'y) = \text{Var}(M'u - L'y) = \\ &= M'\text{Var}(u)M + L'\text{Var}(y)L - M'\text{Cov}(u, y)L - L'\text{Cov}(y, u)M = M'GM \\ &+ L'VL - M'GZ'L - L'ZGM. \end{aligned}$$

Para atender às condições de não-tendenciosidade acima, pode-se introduzir um vetor de multiplicadores de Lagrange, e a nova matriz de função a ser considerada é (Schaeffer, 1999):

$$F = \text{Var}(W - \hat{w}) + (L'X - K')\phi.$$

A minimização da diagonal de  $F$  é encontrada pela diferenciação de  $F$  em relação  $L$  e  $\phi$ , e igualando as derivadas parciais à matriz nula, tem-se:

$$L'y = K'b + M'GZ'V^{-1}(y - Xb)$$

logo o preditor  $\hat{y}$  se torna: (Schaeffer, 1999)

$$L'y = K'b + M'GZ'V^{-1}y - M'GZ'V^{-1}Xb,$$

então

$$\hat{b} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y,$$

Como

$$- M'GZ'V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y.$$

$$L'y = M'GZ'V^{-1}y + K'(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$$

Pós-multiplicando a equação acima por  $y$ , tem-se:

$$- M'GZ'V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y.$$

$$L' = M'GZ'V^{-1} + K'(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$$

Substituindo essa solução para  $\theta$  na equação de  $L$ , tem-se:

$$\theta = (X'V^{-1}X)^{-1}(X'V^{-1}ZGM - K)$$

$$X'V^{-1}X\theta = X'V^{-1}ZGM - K$$

$$X'(V^{-1}ZGM - V^{-1}X\theta) - K = 0$$

$$X'L - K = 0$$

como

Substituindo esse valor de  $L$  acima na segunda derivada, tem-se o valor para  $\theta$

$$L = V^{-1}ZGM - V^{-1}X\theta.$$

Determinando o valor de  $L$ , tem-se:

$$VL = ZGM - X\theta.$$

fazendo  $\theta = 0,5\phi$ , a primeira derivada pode ser escrita como:

$$\frac{\partial F}{\partial \phi} = XL - K = 0$$

$$\frac{\partial F}{\partial L} = 2VL - 2ZGM + X\phi = 0$$

que é o BLUP de  $K'b + M'u$ , e  $\hat{b}$  é a solução de quadrados mínimos generalizados (GLS) para  $b$ . Um caso especial desse preditor seria se  $K'=0$  e  $M'=I$ , então a quantidade a ser predita

$$K'b + M'u = u, \text{ e } L'y = \hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{b}).$$

O BLUP de  $u$ , dada a fórmula acima, é definido como o coeficiente de regressão dos efeitos de um fator aleatório ( $u$ ) em função das observações ( $y$ ), corrigidas para os efeitos dos fatores fixos ( $Xb$ ).

O BLUP apresenta as seguintes propriedades:

- O BLUP de  $M'u$  é de translação invariante ao valor de  $b$ , isto é, a solução BLUP é independente de  $b$ .
- $E(W) = E(\hat{W})$ , por definição, para assegurar a não-tendenciosidade.
- Sob normalidade,  $Xb^0$  é o estimador de máxima verossimilhança (EMV) de  $Xb$ .
- Sob normalidade e com  $K'=0$ , a classificação em  $\hat{W}$  ou em  $M'u$  maximiza a probabilidade do correto ordenamento para todos os pares  $(L'g, L'\hat{g})$ , na classe dos preditores lineares de translação invariante com média zero, sendo  $\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{b})$ .

Além dos preditores, é igualmente importante obter a sua variância.

Sendo (Schaeffer, 1999):

$$P = (X'V^{-1}X)^{-1}$$

$$\hat{b} = PX'V^{-1}y$$

então

$$\begin{aligned} \hat{u} &= GZ'V^{-1}(y - XPX'V^{-1}y) \\ &= GZ'V^{-1}Ay \end{aligned}$$

sendo  $A = (I - XPX'V^{-1})$ .

Pós-multiplicando os membros da equação acima por  $X$ , tem-se:

$$AX = (I - XPX'V^{-1})X$$

$$= X - XPX'V^{-1}X$$

$$= X - X = 0.$$

A variância do preditor  $\hat{u}$  é, assim:

$$\text{Var}(\hat{u}) = GZ'V^{-1}A(\text{Var}(y))A'V^{-1}ZG$$

$$= GZ'V^{-1}AVA'V^{-1}ZG$$

$$= GZ'V^{-1}ZG - GZ'V^{-1}XPX'V^{-1}ZG.$$

A covariância entre  $\hat{b}$  e  $\hat{u}$  é

$$\text{Cov}(\hat{b}, \hat{u}) = PX'V^{-1}\text{Var}(y)A'V^{-1}ZG$$

$$= PX'A'V^{-1}ZG$$

$$= 0, \text{ pois } X'A' = 0$$

Portanto, a variância total do preditor  $\hat{W} = K'\hat{b} + M'\hat{u}$  é

$$\text{Var}(K'\hat{b} + M'\hat{u}) = K'PK + M'GZ'V^{-1}ZGM$$

$$-M'GZ'V^{-1}XPX'V^{-1}ZGM$$

Particularizando  $\hat{W}$  para  $\hat{b}$  ou  $\hat{u}$ , pode-se obter expressões para as variâncias dos erros de predição (Schaeffer, 1999):

$$\text{V}(\hat{b} - b) = \text{V}(\hat{b}) + \text{V}(b) - \text{Cov}(\hat{b}, b) - \text{Cov}(b, \hat{b})$$

$$= \text{V}(\hat{b}) = P.$$

$$\text{Var}(\hat{u} - u) = \text{Var}(\hat{u}) + \text{Var}(u) - \text{Cov}(\hat{u}, u) - \text{Cov}(u, \hat{u}),$$

em que:

$$\text{Cov}(\hat{u}, u) = GZ'V^{-1}A\text{Cov}(y, u)$$

$$= GZ'V^{-1}AZG$$

$$= GZ'(V^{-1} - V^{-1}XPX'V^{-1})ZG$$

$$= \text{Var}(\hat{u})$$

então:

$$\text{Var}(\hat{u} - u) = \text{Var}(\hat{u}) + G - 2\text{Var}(\hat{u})$$

$$= G - \text{Var}(\hat{u}).$$

Outro resultado estabelece que

$$\begin{aligned} \text{Cov}(\hat{b}, \hat{u} - u) &= \text{Cov}(\hat{b}, \hat{u}) - \text{Cov}(\hat{b}, u) \\ &= 0 - \text{PX}'\text{V}^{-1}\text{ZG}. \quad (\text{Schaeffer, 1999}) \end{aligned}$$

A obtenção do BLUP vista anteriormente requer o cálculo da inversa de  $V$ , uma matriz de dimensão igual à quantidade de elementos de  $y$ . Em alguns casos, a estrutura de  $V$  pode ser utilizada para simplificar o processo de inversão. Entretanto, na maioria dos modelos mistos, situações de dados desbalanceados com o número de elementos de  $y$  muito grande, a inversão de  $V$  geralmente não é trivial. Por essa razão, Henderson desenvolveu as chamadas equações do modelo misto para calcular o BLUP de  $u$  e o estimador GLS de  $b$ .

Conhecendo as primeira e segunda derivadas parciais de  $F$ , a matriz de variâncias e covariâncias dos erros de predição, o vetor de multiplicador de Lagrange para forçar a não-tendenciosidade, e escrevendo-as na notação de matriz como (Schaeffer, 1999), tem-se:

$$\begin{pmatrix} V & X \\ X' & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} L \\ \theta \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} ZGM \\ K \end{pmatrix}$$

Como  $V = \text{Var}(y) = \text{ZGZ}' + R$ , fazendo  $S = G(Z'L - M)$  e isolando  $M$ , tem-se  $M = Z'L - G^{-1}S$ .

A equação matricial acima pode ser então reescrita como:

$$\begin{pmatrix} R & X & Z \\ X' & 0 & 0 \\ Z' & 0 & -G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} L \\ \theta \\ S \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ K \\ M \end{pmatrix}$$

Tirando o valor de  $L$  da primeira linha, tem-se:

$$RL + X\theta + ZS = 0$$

$$L = -R^{-1}X\theta - R^{-1}ZS$$

Substituindo  $L$  nas outras duas equações, tem-se:

$$X'L = K$$

$$X'(-R^{-1}X\theta - R^{-1}ZS) = K$$

$$-X' R^{-1} X \theta - X' R^{-1} Z S = K, \quad (1)$$

e

$$Z' L - G^{-1} S = M$$

$$Z' (-R^{-1} X \theta - R^{-1} Z S) - G^{-1} S = M$$

$$-Z' R^{-1} X \theta - Z' R^{-1} Z S - G^{-1} S = M$$

$$-Z' R^{-1} X \theta - (Z' R^{-1} Z + G^{-1}) S = M. \quad (2)$$

Reescrevendo (1) e (2) na forma matricial, tem-se:

$$-\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \theta \\ S \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} K \\ M \end{pmatrix}$$

A solução dessa equação pode ser obtida calculando-se uma inversa generalizada de:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix}$$

denominada como:

$$\begin{pmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{zx} & C_{zz} \end{pmatrix}$$

Então, as soluções são

$$\begin{pmatrix} \theta \\ S \end{pmatrix} = -\begin{pmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{zx} & C_{zz} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} K \\ M \end{pmatrix}.$$

Portanto, o preditor é

$$L'y = (K' \quad M') \begin{pmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{zx} & C_{zz} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix} = (K' \quad M') \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{pmatrix},$$

em que  $\hat{b}$  e  $\hat{u}$  são soluções de:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix} \quad (\text{Schaeffer, 1999})$$

As equações finais são conhecidas como Equações do Modelo Misto de Henderson (MME). Note-se que essas equações são de ordem para os números de elementos de  $b$  e  $u$ , que normalmente são bem menores que os elementos de  $y$  e, portanto, muito mais fáceis de resolver. Também, essas equações requerem a inversa de  $R$  em vez de  $V$ , ambas de mesma ordem, mas  $R$  usualmente é diagonal ou de estrutura mais simples que  $V$ . A inversa de  $G$  também é necessária, com ordem igual ao número de elementos de  $u$ . A habilidade para calcular a inversa de  $G$  depende do modelo e da definição de  $u$ .

Em muitas aplicações, tais como no melhoramento animal, as MME são resolvidas por processos iterativos, como o algoritmo EM, Gauss-Seidel, Newton-Raphson, ou mistura desses processos.

As MME correspondem a um método de cálculo muito usado para obtenção do BLUP de  $K'b + M'u$ . Deve-se ter em mente que BLUP é um procedimento estatístico; se suas condições forem cumpridas, então o preditor tem o menor erro quadrático médio. Essas condições são para que o modelo usado seja o verdadeiro modelo e as matrizes de variâncias e covariâncias das variáveis aleatórias sejam conhecidas e sem erro. As MME são uma das várias ferramentas de cálculo para obtenção (da predição) do BLUP (Schaeffer, 1999).

Na verdade, todos modelos são apenas modelos operacionais aproximados de um modelo desconhecido, e as variâncias e covariâncias são usualmente estimadas; desse modo, não há uma análise verdadeiramente BLUP dos dados, exceto possivelmente em simulações.

A equivalência do preditor BLUP com as MME foi feita por Henderson.

O autor iniciou a prova de equivalência partindo de:

$$V^{-1} = R^{-1} - R^{-1}ZTZ'R^{-1} \quad (3)$$

sendo

$$T = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}$$

e

$$V = ZGZ' + R$$

A relação (3) é de fato verdadeira, conforme se observa por (Schaeffer, 1999):

$$VV^{-1} = (ZGZ' + R)(R^{-1} - R^{-1}ZTZ'R^{-1})$$

$$= ZGZ'R^{-1} + RR^{-1} - ZGZ'R^{-1}ZTZ'R^{-1} - R^{-1}R^{-1}ZTZ'R^{-1}$$

$$= ZGZ'R^{-1} + I - ZGZ'R^{-1}ZTZ'R^{-1} - ZTZ'R^{-1}$$

$$= I + (ZG(Z'R^{-1}Z + G^{-1}) - ZGZ'R^{-1} - Z)TZ'R^{-1}$$

$$= I + (ZGZ'R^{-1}Z + Z - ZGZ'R^{-1}Z - Z)TZ'R^{-1}$$

$$= I + (0)TZ'R^{-1}$$

$$= I.$$

Tomando a equação para  $\hat{u}$  da MME e manipulando-a, pode-se mostrar a equivalência com o preditor BLUP. Das MME, tem-se:

$$Z'R^{-1}Xb + (Z'R^{-1}Z + G^{-1})\hat{u} = Z'R^{-1}y$$

$$(Z'R^{-1}Z + G^{-1})\hat{u} = Z'R^{-1}y - Z'R^{-1}Xb$$

$$(Z'R^{-1}Z + G^{-1})\hat{u} = Z'R^{-1}(y - Xb)$$

$$\hat{u} = TZ'R^{-1}(y - Xb).$$

A fórmula do BLUP derivada anteriormente foi

$$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - Xb)$$

Como

$$V^{-1} = R^{-1} - R^{-1}ZTZ'R^{-1},$$

tem-se:

$$GZ'V^{-1} = GZ'(R^{-1} - R^{-1}ZTZ'R^{-1})$$

$$= GZ'R^{-1} - GZ'R^{-1}ZTZ'R^{-1}$$

$$= (GT^{-1} - GZ'R^{-1}Z)TZ'R^{-1}$$

$$= (G(Z'R^{-1}Z + G^{-1}) - GZ'R^{-1}Z)TZ'R^{-1}$$

$$= TZ'R^{-1}.$$

Igualmente, conhecendo-se a solução MME para  $\hat{u}$  e substituindo-a na primeira equação da MME, tem-se

$$X'R^{-1}X\hat{b} + X'R^{-1}Z(TZ'R^{-1}(y - X\hat{b})) = X'R^{-1}y.$$

Combinando os termos de  $\hat{b}$  e  $y$  para ter

$$X'(R^{-1} - R^{-1}ZTZ'R^{-1})X\hat{b} = X'(R^{-1} - R^{-1}ZTZ'R^{-1})y,$$

que são as mesmas equações GLS, decorre:

$$X'V^{-1}X\hat{b} = X'V^{-1}y.$$

Outro aspecto interessante é o de que a variância dos preditores e os erros de predição podem ser expressos em termos da inversa generalizada dos coeficientes da matriz da MME. Lembrando que

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{zx} & C_{zz} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} XR^{-1} \\ Z'R^{-1} \end{bmatrix} y,$$

em que

$$\hat{b} = C'_b y \text{ e } \hat{u} = C'_u y,$$

sendo

$$C'_b = C_{xx}XR^{-1} + C_{xz}Z'R^{-1} \text{ e } C'_u = C_{zx}XR^{-1} + C_{zz}Z'R^{-1}.$$

Se a matriz de coeficientes de MME é de posto completo (ou uma submatriz for de posto completo), tem-se:

$$\begin{bmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{zx} & C_{zz} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I & 0 \\ 0 & I \end{bmatrix}$$

passando  $G^{-1}$  para o segundo membro, tem-se:

$$\begin{bmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{zx} & C_{zz} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I & -C_{xz}G^{-1} \\ 0 & I - C_{zz}G^{-1} \end{bmatrix}$$

Assim:

$$\begin{aligned}
\text{Var}(\hat{b}) &= \text{Var}(C'_b y) = C'_b \text{Var}(y) C_b = C'_b (ZGZ' + R) C_b \\
&= [C_{xx} \quad C_{xz}] \begin{bmatrix} XR^{-1} \\ Z'R^{-1} \end{bmatrix} [ZGZ' + R] C_b \\
&= [C_{xx} \quad C_{xz}] \begin{bmatrix} XR^{-1}Z \\ Z'R^{-1}Z \end{bmatrix} [GZ'] C_b + [C_{xx} \quad C_{xz}] \begin{bmatrix} X' \\ Z' \end{bmatrix} C_b \\
&= -C_{xz} G^{-1} GZ' C_b + [C_{xx} \quad C_{xz}] \begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z \end{bmatrix} \begin{bmatrix} C_{xx} \\ C_{xz} \end{bmatrix} \\
&= C_{xx} G^{-1} C_{xx} + [I \quad -C_{xz} G^{-1}] \begin{bmatrix} C_{xx} \\ C_{xz} \end{bmatrix} \\
&= C_{xx} G^{-1} C_{xx} + C_{xx} - C_{xz} G^{-1} C_{xz} = C_{xx}.
\end{aligned}$$

Os resultados a seguir são derivados de maneira similar.

$$\text{Var}(\hat{u}) = C'_u \text{Var}(y) C_u = G - C_{zz}$$

$$\text{Cov}(\hat{b}, \hat{u}) = 0$$

$$\text{Var}(\hat{u} - u) = \text{Var}(\hat{u}) + \text{Var}(u) - \text{Cov}(\hat{u}, u) - \text{Cov}(u, \hat{u})$$

$$= \text{Var}(u) - \text{Var}(\hat{u}) = G - (G - C_{zz}) = C_{zz}$$

Na forma de matriz, a matriz de variâncias e covariâncias dos preditores é, portanto:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{xx} & 0 \\ 0 & G - C_{zz} \end{bmatrix},$$

e a matriz de variâncias e covariâncias do erro de predição é:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} - u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{xx} & C_{xz} \\ C_{xz} & C_{zz} \end{bmatrix}.$$

Com o aumento do número de observações na análise, pode-se notar que  $Var(\hat{u})$  aumenta para o valor máximo de  $G$ , e  $Var(\hat{u}-u)$  diminui para um valor mínimo 0.

Testes de hipótese no caso de modelos mistos com dados desbalanceados não estão bem definidos.

Quando  $G$  e  $R$  são conhecidas, como no BLUP, então as soluções de  $\hat{b}$  nas MME são o BLUE e os testes de hipóteses que usam essas soluções são os melhores. Testes que envolvem  $\hat{u}$  são desnecessários porque ao assumir que  $G$  e  $R$  são conhecidas, então já foi assumido que a variação por causa dos fatores aleatórios é diferente de zero. Os procedimentos de hipóteses lineares são assim empregados quanto aos efeitos fixos (Schaeffer,1999). A hipótese nula é dada por:

$$[H'_o \quad 0] \begin{bmatrix} b \\ u \end{bmatrix} = c$$

ou

$$H'_o b = c ,$$

em que  $H'_o b$  deve ser uma função estimável e  $H'_o$  deve ter posto linha completo.  $H'_o b$  é estimável se

$$H'_o [C_{xx} \quad C_{xz}] \begin{bmatrix} XR^{-1}X \\ Z'R^{-1}X \end{bmatrix} = H'_o .$$

O teste estatístico é feito pela forma quadrática:

$$s = (H'_o \hat{b} - c)' (H'_o C_{xx} H'_o)^{-1} (H'_o \hat{b} - c)$$

com  $r(H'_o)$  graus de liberdade, e a estatística de teste é:

$$F = \frac{s}{\hat{\sigma}_e^2} ,$$

sendo

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'R^{-1}y - \hat{b}'X'R^{-1}y - \hat{u}'Z'R^{-1}y}{N - r(X)},$$

em que os graus de liberdade para F são  $r(H'_o)$  e  $N - r(X)$ . (Schaeffer, 1999)

Se **G** e **R** não são conhecidos, então não há nenhum teste exato, porque o BLUE não é possível. Testes válidos só existem sob certas circunstâncias. Se as estimativas de **G** e **R** são usadas para construir a MME, então a solução para  $\hat{b}$  não é o BLUE e os testes resultantes são aproximados.

Se a estimativa de **G** for considerada imprópria, então um teste de  $H'_o b = c$  pode ser feito, tratando **u** como um fator de efeito fixo, assumido que  $H'_o b$  é estimável no modelo com **u** sendo fixo. Assim:

$$\begin{aligned} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} XR^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} P_{xx} & P_{xz} \\ P_{zx} & P_{zz} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} XR^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \end{aligned}$$

e assim:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'R^{-1}y - \hat{b}'X'R^{-1}y - \hat{u}'Z'R^{-1}y}{N - r(X \quad Z)}$$

$$s = (H'_o \hat{b} - c)'(H'_o P_{xx} H'_o)^{-1} (H'_o \hat{b} - c)$$

$$F = \frac{s}{\frac{r(H'_o)}{\hat{\sigma}_e^2}} \quad (\text{Schaeffer, 1999})$$

O outro aspecto relevante na teoria de modelos mistos é o do emprego de restrições nos efeitos fixos. Sendo  $B'b = d$ , a restrição a ser colocada em **b**, então as equações apropriadas seriam:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & B \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} & 0 \\ B' & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \phi \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ d \end{bmatrix}$$

Como  $B'b=d$  é qualquer função geral, então há três possíveis efeitos dessa função sobre a estimabilidade de um  $K'b$  no modelo. As condições sobre  $B'$  são a de que deve ter posto linha completo, e não ter mais do que  $r(X)$  filas. Se  $B'b$  representa um conjunto de funções estimáveis de  $b$  no modelo original, então o estimador de  $b$  não se altera, e as equações modificadas não têm uma inversa. Se  $B'b$  representa um conjunto de funções não estimáveis de  $b$  com  $(p - r(X))$  filas em que  $p$  é o número de colunas de  $X$ , então  $b$  é estimável se  $X$  fosse de posto coluna completo, e as equações modificadas possuem uma única inversa. Se  $B'b$  representa um conjunto de funções não estimáveis de  $b$  com uma quantidade de filas menor que  $(p - r(X))$  e fazendo-se (Schaeffer, 1999):

$$\begin{bmatrix} P_{11} & P_{12} \\ P_{21} & P_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'V^{-1}X & B \\ B' & 0 \end{bmatrix}^{-1}$$

então  $K'b$  é estimável se

$$\begin{bmatrix} K' & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} P_{11} & P_{12} \\ P_{21} & P_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'V^{-1}X & B \\ B' & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K' & 0 \end{bmatrix}$$

As MME podem possuir uma inversa única nesse caso.

Alguns problemas que podem ocorrer na obtenção de predições BLUP são a singularidade de  $G$ , a singularidade de  $R$ , ou ainda a dependência entre  $u$  e  $e$ .

No caso da  $G$  singular, o BLUP de  $u$  não é alterado, pois não necessita do inverso de  $G$ , mas na MME ocorre problema. Henderson (1973) sugeriu que se pré-multiplique a última equação da MME por  $G$ , obtendo a seguinte expressão:

$$\begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ GZ'R^{-1}X & GZ'R^{-1}Z + I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XR^{-1}y \\ GZ'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

Uma desvantagem dessas equações é que a matriz de coeficientes não é simétrica, e a resolução das equações mediante processo iterativo pode demorar muito para alcançar a convergência ou mesmo não convergir.

Quando  $R$  é singular, as MME não podem ser usadas para calcular BLUP. Porém, o cálculo de  $L$  ainda pode ser feito usando os resultados anteriores da variância dos preditores e os erros de predição. A dificuldade é determinar a inversa de  $V$ . Outra alternativa poderia ser dividir  $R$  e  $y$  em subconjunto de posto completo, e analisá-lo ignorando o subconjunto linearmente dependente. Porém, as soluções de  $\hat{b}$  e  $\hat{u}$  podem depender dos subconjuntos escolhidos, a menos que possam dividir  $X$  e  $Z$  da mesma maneira como  $R$  (Schaeffer, 1999).

Quase sempre admite-se que  $Cov(u, e) = 0$ . Supondo, no entanto, que  $Cov(u, e) = T$ , tem-se que  $Var(y) = ZGZ' + RZT' + TZ'$  (Schaeffer, 1999). Uma solução para esse problema é usar um modelo equivalente reparametrizado com uma matriz de variâncias e covariâncias não nula entre  $u$  e  $e$ . Assim:

$$y = Xb + Hu + e$$

com

$$H = Z + TG^{-1}$$

e

$$Var \begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & B \end{bmatrix}$$

em que

$$B = R - TG^{-1}T',$$

conseqüentemente

$$Var(y) = HGH' + B$$

$$\begin{aligned}
&= (\mathbf{Z} + \mathbf{T}\mathbf{G}^{-1}) \mathbf{G} (\mathbf{Z}' + \mathbf{G}^{-1}\mathbf{T}') + (\mathbf{R} - \mathbf{T}\mathbf{G}^{-1}\mathbf{T}') \\
&= \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{Z}\mathbf{T}' + \mathbf{T}\mathbf{Z}' + \mathbf{R}
\end{aligned}$$

As MME apropriadas para o modelo equivalente são

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{B}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{H} \\ \mathbf{H}'\mathbf{B}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{H}'\mathbf{B}^{-1}\mathbf{H} + \mathbf{I} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{B}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{H}'\mathbf{B}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

A inversa de  $\mathbf{B}$  pode ser escrita como

$$\mathbf{B}^{-1} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{T}(\mathbf{G} - \mathbf{T}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{T})^{-1}\mathbf{T}'\mathbf{R}^{-1},$$

mas essa forma pode não ser viável computacionalmente.

A grande dificuldade com esse tipo de problema é definir  $\mathbf{T} = \text{Cov}(\mathbf{u}, \mathbf{e})$ .

## 2.3 Componentes de variância

O uso da metodologia de modelos mistos, para a predição de valores genéticos, requer inicialmente o conhecimento dos componentes de variância e covariâncias. Geralmente, estes são desconhecidos, e as predições não serão mais necessariamente as melhores, mas uma aproximação. Assim, uma determinação segura das estimativas dos componentes da variância é fundamental para o aprimoramento do processo de estimação, como o de predição, podendo resultar em alterações nas estimativas dos efeitos fixos, bem como nas predições dos efeitos aleatórios.

Diversas metodologias têm sido sugeridas para a estimação desses componentes da variância. Dentre elas, o método da Análise de Variância (ANAVA), métodos I, II e III de Henderson, que são três diferentes maneiras de utilizar o método da ANAVA (Henderson, 1953); Método dos Estimadores Não Viesados de Norma Mínima, ou MINQUE (Rao, 1970 e Rao, 1971a); Método de Estimação Não Viesada de Variância Mínima ou MIVQUE (RAO 1971b);

Máxima Verossimilhança, ML (Hartley e Rao, 1967); Máxima Verossimilhança Restrita, REML (Paterson e Thompson, 1971) e o da Máxima Verossimilhança Integrada, VEIL (Gianola e Foulley, 1990).

O método da ANAVA, muito usado para dados balanceados, consiste em obter os estimadores, igualando-se as somas de quadrados ou os quadrados médios, de um quadro de análise de variância aos seus respectivos valores esperados, que são combinações lineares dos componentes de variância, substituindo-os por suas estimativas. Portanto, o método da ANAVA produz equações lineares nos componentes de variância que são resolvidas, e as soluções são tomadas como os estimadores (Barbin, 1993).

Uma generalização do método da ANAVA para dados não-balanceados é utilizar uma forma quadrática em lugar das somas de quadrados. Assim, a estimação de um conjunto de formas quadráticas  $\mathbf{q}$  pode ser dada por:

$$\mathbf{E}(\mathbf{q}) = \mathbf{M}\hat{\sigma}^2 \Leftrightarrow \hat{\sigma}^2 = \mathbf{M}^{-1}\mathbf{q}$$

para alguma matriz  $\mathbf{M}$ , não-singular, e com os elementos de  $\mathbf{q}$  sendo quaisquer formas quadráticas das observações, tais que valham as equações acima, e  $\hat{\sigma}^2$  um vetor de componentes de variância. Dado que  $\mathbf{q}$  não apresenta uma forma única, pode haver nessa estrutura desbalanceada muitos conjuntos diferentes de equações para estimar  $\hat{\sigma}^2$  e o problema torna-se determinar o melhor. Para dados desbalanceados, pode não haver um conjunto melhor (Searle, 1987).

O método I de Henderson aplica-se a procedimentos de análise de variância para dados balanceados ou não, em modelos completamente aleatórios, consistindo em igualar os quadrados médios às suas esperanças matemáticas e resolver o sistema de equações formado. Esse método fornece estimativas não viciadas, com variância mínima, quando os dados são balanceados e os efeitos são não correlacionados.

O método I de Henderson não é adequado para modelos mistos. Pode-se adequar a estes, alterando o modelo e desconsiderando os efeitos fixos ou tratando-os como aleatórios. Neste caso, os estimadores dos componentes de variância para os verdadeiros efeitos aleatórios serão viesados.

O método II de Henderson é uma adaptação do método I, que pode ser aplicado em modelos mistos, consistindo em estimar os efeitos fixos e em seguida aplicar o método I aos resíduos restantes. Para evitar a tendenciosidade, é necessário que os resíduos dependam apenas dos efeitos aleatórios, podendo conter uma constante incluída no modelo. Esse método fornece estimadores únicos para os componentes de variância e covariância. Não havendo interações entre os efeitos fixos e aleatórios ou efeitos aleatórios aninhados dentro de efeitos fixos, esse método pode ser aplicado a qualquer modelo misto (Henderson, 1984 ).

O método III de Henderson, também chamado Método de Ajuste de Constantes, é capaz de estimar componentes de variância para qualquer tipo de modelo misto, usando as reduções nas somas de quadrados do modelo completo e de submodelos.

Esse método permite estimar componentes de variância para qualquer tipo de modelo misto, mas computacionalmente ele requer mais tempo e maior capacidade de memória de computador do que os outros dois métodos e fornece estimadores não viciados e invariantes à translação, mas tais estimadores não são únicos, uma vez que se podem definir ou obter mais reduções do que as necessárias para estimar os componentes de variância; em alguns casos, o método fornece estimativas mais precisas do que as dos métodos I e II, mesmo nos casos em que esses possam ser plenamente aplicados (Verneque, 1994).

De uma maneira geral, pelos métodos de Henderson, há uma relativa facilidade para se obter os estimadores não-viesados e suas respectivas

variâncias e covariâncias amostrais. No entanto, existem algumas desvantagens na aplicação de um ou mais desses métodos (Searle, 1987):

- 1) mais de um conjunto de formas quadráticas pode ser empregado para a obtenção de  $q$ ;
- 2) muitas formas quadráticas, no caso de modelos mistos, conterão funções quadráticas de tais efeitos que nada têm a ver com as variâncias que se quer estimar; dessa forma, a equação  $E(q) = M\hat{\sigma}^2$  não se aplica;
- 3) não há como distinguir entre as possíveis formas quadráticas que geram estimadores não-viesados;
- 4) podem ocorrer estimativas negativas;
- 5) não se conhecem as propriedades distribucionais dos estimadores.

Os métodos dos Estimadores Não Viesados de Norma Mínima (MINQUE) e dos Estimadores Não Viesados de Variância Mínima (MIVQUE) são baseados diretamente na estimação de funções quadráticas dos componentes de variância, por meio de formas quadráticas do vetor de observações.

A estimação de tais funções é sujeita às restrições de não-tendenciosidade e de invariância à translação. Os dois métodos diferem apenas na forma usada para estabelecer a precisão dos estimadores: o primeiro assume que a norma Euclidiana da matriz-núcleo seja mínima, e o segundo impõe a restrição de que a variância dos estimadores seja mínima. Esses critérios não asseguram que esses sejam os estimadores mais adequados e também dependem do conhecimento prévio dos valores dos componentes a serem estimados (Henderson, 1984).

Brown (1976) propôs a utilização do procedimento MINQUE como um processo iterativo denominado I-MINQUE (Iterative-MINQUE), em que a solução MINQUE de um determinado passo serve de aproximação dos verdadeiros valores e esses geram uma nova solução. Esse processo vai sendo repetido até uma convergência estabelecida. As soluções I-MINQUE apresentam

propriedades estatísticas mais vantajosas, quando comparadas às do MINQUE original.

Sob normalidade, os estimadores obtidos pelos dois métodos são equivalentes. Assim, o método MIVQUE é mais utilizado e conhecido, tendo em vista que na maioria dos trabalhos científicos, na área biológica, assume-se que os dados sigam distribuição normal (Verneque, 1994)

O método da Máxima Verossimilhança desenvolvido por Hartley e Rao (1967) baseia-se, pressupondo normalidade, em maximização do logaritmo da função densidade de probabilidade das observações, em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância dos efeitos aleatórios no modelo. É um método iterativo, fornece estimativas não-negativas para os componentes de variância e, em delineamentos genéticos, elimina o viés atribuído às mudanças nas frequências gênicas, decorrentes da seleção, caso o parentesco entre os indivíduos seja considerado.

Nos modelos mistos e aleatórios, as soluções das equações de MV para os componentes de variâncias são praticamente as mesmas dos estimadores obtidos da ANAVA, considerando que os dados sejam balanceados, diferindo nos divisores de certos quadrados médios, em virtude de algumas soluções serem tendenciosas (Searle, 1971).

O procedimento de MV para estimação de componentes de variância tem algumas características atraentes: são funções de estatísticas suficientes; são consistentes, assintoticamente normais e eficientes; as aproximações são sempre bem definidas; o uso da restrição da não-negatividade dos componentes de variância ou de outras restrições no espaço dos parâmetros não causam dificuldades conceituais na aplicação do método; as soluções pertencem quase sempre ao espaço dos parâmetros; mostram variâncias amostrais e erro quadrático médio menores do que aqueles obtidos por outros métodos que com estimadores não-viciados e, além disso, os estimadores de MV e a matriz de

informação para uma dada parametrização do modelo podem ser prontamente obtidos para qualquer outra parametrização.

Hayman (1960) compara a estimação de MV para componentes de variância em experimentos genéticos com a análise de mínimos quadrados de Mather (1949). O primeiro é um método iterativo e exige dois ciclos de cálculo, enquanto o segundo só faz um ciclo. Esse trabalho extra é compensado pela capacidade de o primeiro método tratar uma ampla classe de magnitude de variâncias. O segundo método superestima os erros derivados dos componentes de variância pequenos e fornece, correspondentemente, estimativas incorretas desses componentes. Uma situação inversa é considerada para estimativas de componentes de variância grandes. O método de Nelder (1953) fornece as mesmas estimativas dos componentes de variância que o método dos mínimos quadrados, mas suas estimativas dos erros concordam com as estimativas da MV, quando as observações são normalmente distribuídas (Fernandez, 1991).

Um procedimento da MV, que engloba o modelo misto, para estimação de constantes desconhecidas e variâncias envolvendo fatores fixos, aleatórios e interações, foi apresentado por Hartley e Rao (1967). O método é aplicado a todos os casos em que a matriz do delineamento satisfaz certas condições de estimabilidade dos parâmetros. Os autores discutem a consistência e a eficiência assintótica dos estimadores e deduzem os testes de hipótese e regiões de confiança de estimadores

Estimadores de MV para o caso geral  $p$ -variado são definidos e deduzidos, assim como métodos e fórmulas explícitas para o caso bi-variado, por Klotz e Putter (1969).

Uma expressão geral para elementos da matriz de informação é apresentada por Searle (1970), deduzida para dados não-balanceados de qualquer modelo misto. Usa-se essa expressão para se obter resultados explícitos em modelos aleatórios de classificação hierárquica.

Uma teoria assintótica para estimadores de MV para componentes de variância foi apresentada por Miller (1973).

Uma matriz de transformação aplicada a modelos mistos para calcular estimadores de MV dos componentes de variância e parâmetros de efeitos fixos foi desenvolvida por Hemmerle e Hartley (1973).

Outro método simplificado para obtenção dos estimadores de MV de um modelo aleatório balanceado num espaço restrito de parâmetro foi apresentado por Sahai e Thompson (1973).

Os algoritmos de Newton-Raphson, dos escores de Fisher e de Hemmerle e Hartley foram discutidos por Jennrich e Sampson (1976). Esses algoritmos permitem estimar a média e componentes de variância pelo método MV em modelos mistos.

Harville (1977) apresenta uma revisão sobre os procedimentos de MV para estimação e problemas relacionados, enfatizando aspectos de cálculo.

Um dos problemas que tem impedido a aplicação do método da MV é o viés apresentado pelos estimadores de MV, por não levarem em consideração a perda dos graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo. Esse viés pode ser removido, considerando apenas a parte da função de verossimilhança, que independe dos efeitos fixos. Isso é feito dividindo cada observação em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra, aos efeitos aleatórios. Esse procedimento foi denominado de Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

Ao longo do tempo, muitos pesquisadores, entre eles Anderson e Bancroft (1952), e Russel e Bradley (1958), procuraram desenvolver a estimação de componentes de variância por REML para modelos específicos de ANOVA de dados balanceados. Isso foi estendido para todo modelo de dados balanceados da ANOVA por Thompson (1962). Mas sua forma geral para modelos desbalanceados só foi apresentada mais tarde por Patterson e Thompson (1971).

Corbeil e Searle (1976) apresentaram um desenvolvimento para dados não-balanceados, como caso especial. Os autores afirmam que, para dados balanceados, os estimadores REML são idênticos aos estimadores da ANOVA; caso contrário, são diferentes.

Um algoritmo que consiste em iterações das equações de MIVQUE até sua convergência foi apresentado por Harville (1977), após uma revisão de vários problemas associados com MV e REML. Uma condição imposta pelo algoritmo é que a convergência ocorra dentro dos espaços dos parâmetros.

Henderson (1984a, 1984b, 1986) comenta que os estimadores REML podem produzir variâncias amostrais e erros quadráticos médios menores em relação a outros métodos de estimação com estimadores não-tendenciosos. Esse autor defende um algoritmo de maximização da esperança pela sua comparativa simplicidade de cálculo e por sua propriedade de apresentar estimativas dentro do espaço de parâmetros permitido e apresenta um algoritmo que alterna passos de maximização e de igualação com esperança. Segundo ele, dependendo da matriz de incidência, dos valores básicos dos parâmetros e do algoritmo utilizado, exceto para delineamentos balanceados, a convergência das iterações para solucionar a maximização das equações pode ou não estar no espaço dos parâmetros.

Meyer (1983, 1985, 1986) apresenta um algoritmo para a estimação simultânea dos componentes de variância e covariância. Desenvolve o método REML de forma semelhante ao algoritmo de Anderson (1973). Desenvolve também um algoritmo para acelerar a razão de convergência quando comparada com EM, e diminuir o tempo por iteração, quando comparado com o método dos escores de Fisher.

Valente (1988) utilizou a REML para estimar componentes de variância e covariâncias em tratamentos com informações perdidas para alguns deles.

Durante a última década, o método REML tem se tornado o método preferido para estimação de componentes de variância e covariâncias, principalmente em melhoramento animal. Situação em que os dados são, via de regra, desbalanceados. Essa escolha ocorre não apenas por causa das propriedades estatísticas desejáveis que o método apresenta, mas também por causa da grande evolução dos recursos computacionais disponíveis, do desenvolvimento e a adaptação de algoritmos especializados, explorando características específicas da estrutura dos dados ou de modelo de análise, e da utilização de uma variedade de técnicas numéricas (Verneque, 1994).

### 3 METODOLOGIA

#### 3.1 Simulação de Dados

A teoria de modelos mistos foi utilizada em delineamentos em blocos aumentados, simulados em computador. Para tanto, foram consideradas linhagens totalmente endogâmicas como tratamentos regulares de uma espécie vegetal diplóide fictícia com 200 genes independentes controladores da característica avaliada e 100 locos marcadores usados para estimar a matriz de covariâncias genéticas entre linhagens. Os alelos dos genes eram aleatoriamente sorteados ao longo das linhagens.

A frequência do alelo favorável em cada gene era gerada baseando-se em uma distribuição uniforme de parâmetros 0,2 e 0,8, em cada simulação de um conjunto de linhagens.

Para simular a utilização de marcadores moleculares na estimação das similaridades genéticas, fez-se a pressuposição de que o número de locos marcadores com mesmo genótipo, entre duas linhagens, teria uma distribuição binomial de parâmetros  $r$  e  $s$ , em que  $r$  é o número de marcadores (100) e  $s$  é a similaridade genética naquele par de linhagens, considerando os genes controladores da característica. Assim, uma vez simulado um conjunto de linhagens, a matriz de similaridades quanto aos genes da característica era construída, correspondendo à proporção de genes de mesmo genótipo, em cada par de linhagens. Considerando-se os elementos  $s$  dessa matriz, variáveis binomiais como descritos acima eram geradas utilizando a aproximação normal. Tais variáveis eram divididas

por r, ou seja, 100, e utilizadas para compor a matriz de similaridades quanto aos locos marcadores. O número de linhagens consideradas assumiu os valores 50, 100 e 200, caracterizando diferentes tamanhos de amostra da população de possíveis linhagens. A cada simulação, um novo conjunto de linhagens era aleatoriamente gerado.

Os efeitos dos alelos eram sorteados de uma função densidade exponencial com parâmetro igual a 1.

Com base na variância genética gerada em cada população simulada, valores de variância ambiental foram atribuídos de maneira a determinar valores 0,2, 0,5 e 0,8 para herdabilidade em nível de parcelas ( $h^2$ ); essa é a razão entre a variância genética e a soma da variância genética e ambiental (percentual da variância genética em relação a variância total). Assim, a variância ambiental tinha o seu valor definido por  $\sigma^2 = [(\sigma_g^2 / h^2) - \sigma_g^2]$ , em que  $\sigma_g^2$  corresponde à variância genética e  $\sigma^2$  corresponde à variância ambiental total entre parcelas. Como os tratamentos regulares correspondiam a linhagens endogâmicas, a variância genética entre linhagens era igual à variância genética entre parcelas.

A variância ambiental total, por sua vez, foi decomposta em dois componentes, um associado à variação dentro de blocos e outro associado à variação entre blocos. Para determinar que fração da variância ambiental total caberia a um e a outro componente, foi considerado o coeficiente de heterogeneidade de solo de Smith (1938). Representado por b, esse coeficiente estabelece uma relação empírica entre a variância entre médias de grupos ( $V_m$ ) contendo m unidades básicas e a variância total entre unidades básicas ( $V_1$ ), dada por:

$$V_m = \frac{V_1}{m^b}$$

em que b é um parâmetro entre 0 e 1, característico do solo e da variável em questão. Geralmente, tais grupos correspondem a parcelas, e as unidades básicas

correspondem a plantas. Aqui, como os modelos considerados foram em nível de parcelas, os grupos e as unidades básicas corresponderam a blocos e parcelas, respectivamente, permitindo um particionamento da variância ambiental entre e dentro de blocos. Adaptando-se as expressões de Smith (1938), tem-se que a variância dentro de grupos (aqui, blocos), considerando um campo experimental de tamanho tendendo ao infinito, é dado por:

$$V_d = \frac{m(1 - m^{-b})}{m - 1} V_1$$

sendo que os quadrados médios entre e dentro de grupos (blocos) são:

$$Q_M(\text{Entre}) = m V_m$$

$$Q_M(\text{Dentro}) = V_d$$

com esperanças dadas por:

$$E[QM(\text{Entre})] = \sigma_d^2 + m\sigma_b^2$$

$$E[QM(\text{Dentro})] = \sigma_d^2$$

sendo  $\sigma_d^2$  e  $\sigma_b^2$  os componentes de variância dentro e entre blocos.

Dessa forma, para um dado valor de  $\sigma_g^2$  e estabelecendo-se um valor  $h^2$ , obtém-se  $\sigma^2$  (como visto anteriormente), que nada mais é do que a variância ambiental total entre parcelas  $V_1$ . De posse dessa, obtêm-se  $V_m$  e  $V_d$ , e com base nesses,  $\sigma_d^2$  e  $\sigma_b^2$ , bastando igualar às suas esperanças, de maneira que:

$$\sigma_d^2 = V_d = \frac{m(1 - m^{-b})}{m - 1} \sigma^2$$

$$\sigma_b^2 = \frac{(mV_m - V_d)}{m} = \frac{m^{1-b} - 1}{m - 1} \sigma^2$$

observando que, de fato:

$$\sigma_d^2 + \sigma_b^2 = \frac{m - m^{1-b} + m^{1-b} - 1}{m - 1} \sigma^2 = \sigma^2$$

Dessa forma, na simulação, foram atribuídos 3 valores ao coeficiente de heterogeneidade de solo de Smith (1938): 0,1, 0,5 e 0,9.

O número de blocos foi determinado em relação ao número de linhagens. Nessa simulação considerou-se o número de blocos como sendo 5%, e 20% do número de linhagens. Uma vez estabelecido o número de blocos, seus tamanhos eram determinados de maneira a serem iguais, a não ser eventualmente que aquelas porcentagens não resultassem em números inteiros, quando então o último bloco era maior, recebendo, adicionalmente, uma quantidade de tratamentos correspondente ao resto da divisão.

Para a geração dos efeitos dos tratamentos comuns, o seguinte procedimento foi adotado. Estabelecido o valor da variância ambiental total, a média geral era obtida considerando-se um coeficiente de variação igual a 25%. A seguir, para um dado número de blocos, calculava-se o erro-padrão de uma média de tratamento comum. Assim, os efeitos de três tratamentos comuns eram gerados, respectivamente, iguais à média subtraída de um erro-padrão, à média e à média somada de um erro-padrão.

Assim, considerando os três tamanhos de amostra ( $n$ ), os três coeficientes de Smith ( $b$ ), os dois números de blocos ( $v$ ) e as três herdabilidades ( $h^2$ ), foram totalizados 54 situações. Cada situação foi simulada 100 vezes.

### **3.2 Alternativas de análise**

Cada vez que um conjunto de dados era gerado, consideravam-se as alternativas de análise: 1) tratamentos e blocos de efeitos fixos (FF), correspondente à análise intrablocos (comparações dentro de cada bloco); 2) blocos de efeito aleatório e tratamentos de efeito fixo (AF), correspondente à análise com recuperação da informação interblocos (informações relativas às diferenças entre tratamentos presentes nos contrastes entre blocos); 3) blocos de

efeito fixo e tratamentos regulares de efeito aleatório (FA: análise com recuperação de informação intergenotípica); e 4) blocos e tratamentos regulares de efeitos aleatórios (AA: análise com recuperação das informações interblocos e intergenotípicas).

As alternativas AF, FA e AA apresentaram duas variações; a primeira, supondo conhecidos os componentes de variância, e a segunda, estimando-os. Dessa forma, era possível avaliar o impacto decorrente da necessidade de estimação dos componentes de variância, em relação às melhores previsões teóricas, que os admitem conhecidos.

Foram utilizadas grandezas que comparam as estimativas (ou previsões) dos tratamentos regulares,  $\hat{\theta}_i$ , com os correspondentes valores paramétricos  $\theta_i$  ( $i = 1, 2, \dots, n$ ). Esses nada mais eram do que a soma dos valores genotípicos ao longo de todos os locos, na linhagem  $i$ .

A primeira dessas grandezas foi o viés estimado, dado, em cada simulação, por:

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{\theta}_i - \theta_i)$$

computando-se, ao longo das 100 simulações, o valor médio dessa grandeza, bem como o seu erro-padrão.

A segunda grandeza foi o erro quadrático médio estimado (EQM), dado por:

$$EQM = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{\theta}_i - \theta_i)^2,$$

o qual tinha, igualmente, sua média e erro-padrão calculados, ao longo das simulações.

Também foram calculadas as correlações de Pearson e de Spearman, em cada simulação, obtendo-se, posteriormente, suas médias e erro-padrões. A

correlação de Spearman reflete a acurácia no ordenamento das linhagens, e é particularmente informativa quando a seleção é truncada. Entretanto, conforme destacado por Duarte (2000), por vezes a seleção é baseada em um padrão comercial. Para contemplar tais casos, optou-se por uma grandeza correspondente à porcentagem de tratamentos regulares superiores ao melhor tratamento comum (“Elites”). Uma vez que essa porcentagem era conhecida em cada simulação, pôde-se calcular seu viés, bem como a média e o erro padrão.

Para aquelas alternativas de análise que envolviam estimação de componentes de variância, o viés e a raiz quadrada do erro quadrático médio das estimativas eram computados. Essas alternativas envolviam processos iterativos, utilizando o algoritmo EM (descrito adiante). Assim, o número médio de iterações, bem como seu erro padrão, também eram computados para informar sobre o grau de dificuldade da convergência. Por uma questão de limitação de tempo computacional, optou-se por restringir o número máximo de iterações em 500. Considerando todas as situações estudadas, estima-se que cerca de 2500 horas de computação foram dispendidas.

Todas as alternativas de análises foram baseadas no modelo geral:

$$y = Xb + Zu + e$$

em que:

$y$  é o vetor de observações;

$b$  é o vetor de efeitos fixos desconhecidos;

$u$  é o vetor de efeitos aleatórios desconhecidos;

$e$  é o vetor de erros aleatórios;

$X$  e  $Z$  são matrizes conhecidas, dependendo da alternativa de análise considerada.

Nas alternativas AF, FA e AA com componentes de variância desconhecidos, as correspondentes estimativas foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o algoritmo EM. A solução

conjunta para os efeitos fixos e aleatórios foi obtida utilizando-se o sistema de equações do modelo misto de Henderson (MME):

$$\begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b^o \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XR^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (1)$$

em que  $R = I\sigma^2$  é a matriz de variâncias e covariâncias residuais, com  $I$  sendo uma matriz identidade,  $\sigma^2$ , a variância residual e  $G = A\sigma_g^2$  a matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre as linhagens, em que  $A$  é a matriz de similaridades genéticas, com elementos obtidos com base em informação molecular simulada. Multiplicando-se ambos os membros de (1) por  $\sigma^2$ , atribuindo-se valores iniciais de  $\sigma^2$  e  $\sigma_g^2$ , tem-se a equação abaixo, que permite obter a primeira iteração:

$$\begin{bmatrix} b^o \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XX & XZ \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\gamma \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} Xy \\ Z'y \end{bmatrix} \quad (2)$$

em que

$$\gamma = \frac{\hat{\sigma}^2}{\hat{\sigma}_g^2}.$$

Para que a inversa clássica acima existisse, restrições paramétricas ponderadas eram utilizadas nos efeitos fixos (no presente caso, que os efeitos de bloco, ponderados pelos respectivos tamanhos, somassem zero). As estimativas dos componentes de variância para a próxima iteração são obtidas pelas expressões

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{y'y - b^o'X'y - \hat{u}'Z'y}{N - r(X)} \quad \hat{\sigma}_g^2 = \frac{\hat{u}'A^{-1}\hat{u} + tr(A^{-1}C)\hat{\sigma}^2}{q}$$

em que  $N$  é o número de observações,  $r(X)$  é o posto da matriz  $X$ ,  $q$  é o número de tratamentos regulares e  $C$  é a submatriz da inversa do sistema correspondente à submatriz  $Z'Z + A^{-1}\gamma$ . Por se tratar de um processo iterativo, novo valor de  $\gamma$  é obtido e, em seguida, a nova iteração proporciona novas estimativas e, assim por diante, até que ocorra uma convergência. O critério de convergência adotado em

todas as alternativas de análise consistiu em observar a razão entre os valores de  $\gamma$  de duas iterações consecutivas. Se essa razão estivesse entre 0,9999999 e 1,0000001, o processo era cessado.

Para ilustrar o algoritmo, um exemplo numérico é apresentado no Apêndice, para a alternativa de análise FA. No caso AF, um procedimento análogo era feito, sendo  $G = I\sigma_b^2$ , em que  $\sigma_b^2$  é o componente de variância relativo aos efeitos de blocos. Na alternativa AA, eram consideradas matrizes de covariâncias relativas aos efeitos de blocos e tratamentos regulares.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados médios obtidos ao longo de 100 simulações, em cada uma das 54 situações consideradas para avaliar as diferentes abordagens de análise do delineamento em blocos aumentados, estão apresentados nas Tabelas 1A a 54A. Cada Tabela refere-se a uma dessas situações.

O primeiro parâmetro apresentado, o viés, correspondeu, conforme definido anteriormente, ao somatório das diferenças observadas entre os valores genotípicos das linhagens e suas predições. Pode-se notar, nas 54 Tabelas, que a magnitude dos vieses foi sempre consideravelmente baixa, em todas as sete alternativas de análise, quando comparada aos respectivos erros padrões. Na realidade, em nenhum caso o viés ultrapassou, em valor absoluto, três vezes o erro padrão correspondente. Esse aspecto esteve de acordo com o fato de que, nos modelos mistos, ao se utilizar a melhor predição linear não-tendenciosa, tanto os efeitos fixos quanto os aleatórios têm esperança nula. Dessa forma, esse comportamento era esperado nas quatro primeiras alternativas de análise. Nas três últimas, em que os componentes de variância são estimados, a mesma tendência se manteve. A pequena magnitude dos vieses também pode ser melhor apreciada ao se considerar que os vieses médios por linhagem (que poderiam ser obtidos dividindo-se os valores das Tabelas pelo  $n$  correspondente) são extremamente pequenos, freqüentemente menores que 1,0 (em valor absoluto). Isso em populações de linhagens com variâncias genéticas que estiveram próximas ao valor 400, ou seja, admitindo-se uma aproximação normal dos valores genotípicos, tem-se que cerca de 95% das linhagens distribuíram-se em 40 unidades abaixo e acima da média. Em tais populações, os vieses foram de fato extremamente pequenos.

Outro aspecto notável é o que se percebe logo na Tabela 1A, e que persiste em mais 43 delas (81,5% das situações), em que os valores de viés para

as metodologias FF, AF(c) e AF foram exatamente os mesmos, inclusive os erro-padrões. Não se deve perder de vista que, a cada vez que um conjunto de dados era simulado, esse mesmo era submetido às sete alternativas de análise. Esse aspecto, somado à semelhança entre as metodologias FF, AF(c) e AF, que consideram os tratamentos regulares como efeito fixo, resultaram nessa tendência extrema, para o viés. No tocante aos outros critérios, elas se diferenciaram mais, o que será discutido posteriormente.

O aspecto fundamental é que, sendo os vieses de magnitude tão pequena de forma geral, esse parâmetro não será usado doravante para discriminar as alternativas de análise, uma vez que todas se mostraram, em geral, satisfatórias (sem tendenciosidade marcantes).

As alternativas de análise FA(c), AF(c) e AA(c), embora pouco prováveis de serem utilizadas em programas de melhoramento (em função de os componentes de variância serem desconhecidos, em geral), possibilitaram neste estudo avaliar a eficiência teórica esperada da melhor predição linear não-tendenciosa. Assim, respeitando a natureza aleatória intrínseca dos efeitos das linhagens e dos blocos, esperar-se-ia que, por exemplo, o erro quadrático médio de predição fosse mínimo e que o ordenamento das linhagens fosse o mais próximo do verdadeiro, conforme discutido no Referencial Teórico. Assim, considerando o erro quadrático médio (EQM) apresentado nas Tabelas 1A a 54A, nota-se que a metodologia AA(c) apresentou o menor EQM em 34 situações (53,1%). As 20 restantes correspondem quase sempre a condições de alta herdabilidade ( $h^2 = 0,8$ ). Na realidade, de todas as situações com  $h^2 = 0,8$  (Tabelas 37 a 54), apenas uma apresentou um menor EQM para a alternativa AA(c), que foi a com  $n = 50$  linhagens, coeficiente de Smith  $b = 0,9$  e número de blocos igual a 2 (Tabela 42A). Em três das vinte situações em que AA(c) não foi a abordagem mais precisa, foram condições com  $h^2 = 0,5$ ,  $b = 0,1$  e número de blocos igual a 0,2 n. Essas condições são as das Tabelas 19A, 25A e 31A,

justamente para os três tamanhos de amostra ( $n = 50, 100$  e  $200$ ). Em tais casos, contudo, a alternativa mais precisa foi outra metodologia teórica, a AF(c), que reconhece a natureza aleatória dos blocos e admite seu componente de variância conhecido.

Nas 17 situações com  $h^2 = 0,8$ , em que a alternativa AA(c) não foi a mais precisa, nota-se que as diferenças maiores ocorrem com  $b=0,1$ , ou seja, quando uma fração maior da variação ambiental se deve às diferenças entre blocos. Pode-se comparar, por exemplo, as Tabelas 43A e 47A, que se referem às mesmas condições, à exceção do valor de  $b$ , igual a  $0,1$  e  $0,9$ , respectivamente. Enquanto, na primeira, a alternativa AA(c) apresentou um EQM cerca de seis vezes maior que o menor valor, na Tabela 47A, foi apenas 1,18 vez maior. Um comportamento semelhante, embora em menor escala, pode ser também ilustrado comparando-se as Tabelas 50A e 54A. O único caso que registrou uma diferença maior entre os EQM, com  $b$  diferente de  $0,1$ , foi o da Tabela 41A, com  $b$  igual a  $0,9$ , em que o EQM da AA(c) foi quase duas vezes maior que o menor valor.

Essa tendência geral de a análise AA(c) não apresentar o menor EQM em presença de alta herdabilidade, mais pronunciadamente com efeitos de blocos maiores, não é clara, uma vez que se esperava que essa alternativa fosse teoricamente a mais precisa em qualquer situação. Um fato que pode explicar em parte esse comportamento é o de que o componente de variância genética utilizado como parâmetro conhecido foi a variância genética entre as linhagens na simulação em questão ( $50, 100$  ou  $200$ ), enquanto, a rigor, a variância genética populacional consiste na variância entre todas as infinitas possíveis linhagens no genoma fictício considerado. Assim, em condições de precisão muito alta (herdabilidade alta e maior parte da variação residual removida pela causa de variação devida aos blocos), a influência desse aspecto pode ter sido

sentida. A tendência da análise FA(c) foi muito parecida à AA(c), no tocante ao EQM, embora sendo, em geral, um pouco menos precisa.

De qualquer maneira, dessas dezessete situações de maior herdabilidade, a alternativa de menor EQM foi a AF(c), em 15 delas. Nas outras duas (Tabelas 41A e 43A), a mais precisa foi a AF. Assim, houve uma clara tendência de as abordagens teóricas serem majoritariamente mais precisas, evidenciando a consistência do processo de simulação neste estudo, frente ao esperado.

Esse aspecto foi ainda mais marcante no tocante à correlação de Spearman, que permitiu verificar se o ordenamento das predições é mais acurado, considerando blocos e tratamentos regulares de efeito aleatório, conforme o esperado. De fato, a metodologia AA(c) apresentou a mais alta correlação de Spearman em 92,6% dos casos (50 situações), várias delas mesmo em condições de herdabilidade alta. Assim, para a prática da seleção truncada, se os componentes de variância fossem conhecidos, a alternativa AA(c) seria, em geral, a mais apropriada.

Quanto à correlação de Pearson, os valores foram mais próximos entre si, para as alternativas utilizando componentes de variância conhecidos. Também em condições de alta herdabilidade, a abordagem AA(c) apresentou diferenças mais pronunciadas em relação ao maior valor.

Se, em um programa de melhoramento, a seleção for em relação a um padrão comercial (seleção não truncada), então o parâmetro “porcentagem de Elites”, apresentada nos resultados da simulação, é de maior interesse. Em particular, o viés dessa estatística, também presente nas Tabelas 1A a 54A, permite visualizar a proximidade em relação à verdadeira porcentagem de linhagens elites, nas diferentes alternativas de análise. Em relação a esse parâmetro, ao contrário da correlação de Spearman, a abordagem AA(c) apresentou-se como a melhor (no caso, vieses mínimos) em uma frequência relativa baixa (29,6%, ou 31 casos). No entanto, deve-se destacar que quase

sempre a abordagem AA(c) apresentou um viés muito próximo do mínimo. Nos casos em que as diferenças foram maiores (Tabelas 29A, 32A e 35A), o valor mínimo foi observado para a abordagem AA, que é diferente apenas no sentido de que os componentes de variância são estimados.

Em um programa real de melhoramento, os componentes de variância são, em geral, desconhecidos e, assim, é de especial interesse prático a comparação entre as metodologias FF, FA, AF e AA, utilizando todos esses critérios, à exceção do viés dos valores genotípicos, pelas razões já apontadas, e também utilizando outros critérios próprios dessas alternativas de análise, como a qualidade da convergência (uma vez que os métodos FA, AF e AA são iterativos), bem como a dos estimadores dos componentes de variância. É particularmente interessante verificar se a utilização da teoria de modelos mistos de alguma maneira (FA, AF ou AA) apresenta vantagens em relação à análise intrablocos originalmente proposta (abordagem FF).

De fato, de uma maneira geral, diferenças consideráveis foram observadas entre os modelos mistos estimando e não estimando componentes de variância. Ou seja, a necessidade dessa estimação geralmente resulta em algum tipo de perda relacionada à precisão, em virtude dessa fonte adicional de variabilidade inerente, que são os estimadores dos componentes de variância. Nas comparações a seguir, entre as metodologias FF, FA, AF e AA, as outras três estarão sendo desconsideradas.

No tocante ao EQM, a abordagem AA apresentou o menor valor em 53,7% das situações, a AF em 38,9%, a FF em 5,6% e FA em 1,9% (uma única vez). Ou seja, a metodologia AA apresentou maior precisão na maioria das situações, seguida de AF, à semelhança do que ocorreu com os modelos análogos teóricos (com componentes conhecidos).

Também aqui, a maioria das condições em que AA não foi a análise mais precisa coincidiu com as de alta herdabilidade (Tabelas 37A a 54A). Em

quatro delas, a herdabilidade foi igual a 0,5 e o coeficiente de Smith 0,1 (Tabelas 19A, 25A, 31A e 32A), ilustrando um comportamento semelhante aos modelos teóricos. Esses resultados sugerem que em condições de alta precisão (alta  $h^2$  e baixo  $b$ ), a predição em modelos considerando linhagens como aleatórias é menos precisa do que a de modelos em que aquelas são tidas como fixas. Há um aumento de precisão, de qualquer maneira, ao se recuperar a informação interblocos.

Quanto às correlações de Pearson e de Spearman, observa-se uma constante superioridade para a abordagem AF. Em ambos os parâmetros, essa abordagem apresentou o maior valor em 90,7% das vezes (49 situações). Ainda assim, em todas as situações restantes, a correlação de Pearson da alternativa AF esteve muito próxima do valor máximo (Tabelas 2A, 20A, 26A, 38A e 43A). O mesmo pode-se dizer do restante das situações, no tocante à correlação de Spearman (Tabelas 20A, 26A, 38A, 43A e 44A). Nessas situações, o maior valor das correlações foi o da abordagem FF, à exceção da Tabela 43A, na qual a alternativa AA apresentou maior valor. Essa foi a única situação em que uma correlação foi máxima para um modelo com os efeitos de tratamentos regulares aleatórios. Esses resultados, em conjunto, sugerem que, para uma ampla gama de situações, se a seleção for truncada, então justifica-se recuperar a informação interblocos. Na pior das hipóteses, estar-se-ia tendo uma eficiência semelhante à análise intrablocos. Não se justifica, contudo, levar em conta a aleatoriedade das linhagens, bem como dispendir recursos para a geração dos dados moleculares, se a seleção for truncada, utilizando o delineamento em blocos aumentados, da maneira como apresentado nesse estudo.

O viés da porcentagem de linhagens elite fornece informações relevantes quando a seleção é não truncada. Em relação a esse critério, a alternativa de análise AA apresentou o menor viés (em valor absoluto) na grande maioria dos casos (85,2%). Esses resultados sugerem que se a seleção for baseada em um

padrão ou cultivar comercial (não truncada), então não só se justifica a recuperação da informação interblocos, e que se deve levar em conta a aleatoriedade das linhagens, quantificando a similaridade entre elas por meio de marcadores moleculares. Isso está relacionado com o efeito Shrinkage, próprio dos modelos mistos, que retrata mais acuradamente a distribuição dos valores genotípicos, em relação aos modelos com efeitos de linhagens fixos, que “espalham” tais efeitos, distanciando-os da média. Esses resultados sugerem que a escolha do modelo deve se assentar na maneira como é feita a seleção.

É interessante notar que a superioridade de AA quanto ao viés da porcentagem de elites é mais marcante com valores de  $b$  médios a altos. Por exemplo, ao comparar as Tabelas 2A, 4A e 6A, em igualdade de condições, a não ser pelos valores de  $b$ , iguais a 0,1, 0,5 e 0,9, nota-se que a diferença para o viés da metodologia AF cresce de 0,04, na Tabela 2A, para 0,13 e 0,17 nas Tabelas 4A e 6A. Comparações semelhantes podem ser feitas, por exemplo, com as Tabelas 8A, 10A e 12A. Com o aumento da herdabilidade, as diferenças também diminuem, e respeitando essa tendência ao variar  $b$  (compare-se, por exemplo, os vieses das porcentagens de elites das Tabelas 50A, 52A e 54A). Ou seja, com o aumento da precisão (alta herdabilidade e baixo  $b$ ), a seleção não-truncada também seria eficiente, considerando tratamentos regulares como fixos.

Salta à vista, no tocante ao viés da porcentagem de elites, a inferioridade da metodologia FA. Em alguns casos, o viés é negativo e consideravelmente alto em magnitude, caracterizando um descarte muito elevado de linhagens elite. Para ilustrar esse aspecto, pode-se considerar as Tabelas 7A a 12A. Isso ressalta a importância da recuperação da informação interblocos com o delineamento em blocos aumentados.

De uma maneira geral, a alternativa FF, que é a abordagem original do delineamento, teve um comportamento semelhante à alternativa AF. Para se ter

uma idéia das condições em que a recuperação da informação interblocos se justifica, notadamente em programas com seleção truncada, pode-se considerar os casos em que uma das correlações (Pearson ou Spearman) da alternativa AF é superior em pelo menos 0,02 à correlação correspondente de FF. Houve dezoito casos assim, quase todos com  $b$  igual a 0,9. As exceções foram duas, com  $b$  igual 0,5 (Tabelas 9A e 16A). Isso foi coerente com o fato de que, conforme destacado por Duarte (2000), a recuperação da informação interblocos é mais relevante quando as diferenças entre blocos são pequenas ( $b$  elevados).

As dificuldades de um aumento substancial de eficiência com o uso da teoria de modelos mistos nesse delineamento talvez estejam, em parte, relacionadas com o seu desbalanceamento. Uma maneira de quantificar a qualidade do delineamento é comparando-se a correlação de Pearson com a raiz quadrada da herdabilidade, que nada mais é do que a correlação entre fenótipos e genótipos. Se a primeira for igual ou inferior à segunda, então isso sugere uma remoção mínima de efeitos residuais na obtenção das predições. Para as herdabilidades 0,2, 0,5 e 0,8, têm-se assim os valores de referência 0,447, 0,7077 e 0,8944, respectivamente. Nota-se que as porcentagens de vezes que a correlação de Pearson foi inferior à raiz quadrada da herdabilidade, para as alternativas AA, FA, FF e AF, foram respectivamente iguais a 89,9%, 88,9%, 63,0% e 53,7%, ou seja, sempre maiores que a metade das vezes, evidenciando as debilidades intrínsecas do delineamento. De qualquer maneira, a alternativa envolvendo somente a recuperação da informação interblocos foi a que menos porcentagem apresentou.

Como comentado anteriormente, alguns critérios de avaliação específicos das metodologias FF, FA, AF e AA são interessantes de serem abordados, em especial nas três últimas. O algoritmo EM, utilizado neste estudo, mostrou-se extremamente lento no tocante à convergência. Por uma questão de limite de tempo computacional, optou-se por restringir o número máximo de

iterações em 500. Assim, embora não tenha sido computada sua frequência, é provável que em grande parte dos casos atingia-se o limite de 500 iterações sem satisfazer o critério de convergência especificado. Para se ter uma idéia aproximada dessa frequência, foram contados o número de vezes em que o número médio de iterações, somado a duas vezes o desvio padrão, foi superior a 500. Em tais casos, é de se esperar que em uma frequência baixa de casos, esse limite teria sido atingido. Embora as Tabelas 1A a 54A apresentem os erros padrões, para obter os desvios padrões, basta multiplicá-los por 10, uma vez que se trata de 100 simulações em cada situação. Os resultados mostraram que a alternativa FA satisfaz esse critério em 64,8% dos casos, a AF em 24,1% e a AA em 11,1%. É interessante notar que os maiores problemas de convergência e os maiores números médios de iterações ocorreram com a alternativa AA, que contém dois componentes de variância sendo estimados. Em quase um terço das vezes (17 situações), nenhuma alternativa de análise satisfaz o critério acima.

A despeito desses problemas de convergência, é interessante notar que algumas conclusões já apontadas aparentemente não dependem muito desse aspecto. Foi constatado que a alternativa FA teve o pior desempenho, e provavelmente isso não teve ou teve pouco a ver com os problemas de convergência, uma vez que foi a que melhor convergiu. Outro aspecto refere-se à recuperação da informação interblocos. Nas vezes em que a alternativa AF não apresentou esses problemas, conforme o critério acima, o valor de  $b$  sempre foi igual a 0,1 (Tabelas 1A, 7A, 8A, 13A, 14A, 19A, 25A, 31A, 32A, 37A, 44A, 49A e 50A). Ou seja, quando se concluiu anteriormente que a alternativa AF é mais interessante com  $b=0,5$  ou  $0,9$ , isso ocorreu independentemente de o critério de convergência ter sido mais aproximado. Ou seja, com mais iterações, ou com um algoritmo numérico melhor, é razoável admitir que a alternativa AF tenderia a melhorar ainda mais. Nas situações em que essa alternativa foi menos

eficiente, ou seja, com  $b=0,1$ , isso não ocorreu em virtude de problemas de convergência, pois, em geral, essa foi atingida.

Em relação à qualidade de estimação dos componentes de variância ambiental, genética e de blocos, são pertinentes algumas observações. Pode-se observar na tendência geral de a variância residual ser melhor estimada (menores viés e raiz de EQM) com as metodologias FF e AF. Por vezes, a diferença na qualidade da estimação é muito marcante (veja, por exemplo, a Tabela 52A). No tocante à variância genética, na quase totalidade, a alternativa AA apresentou estimativas melhores que a FA. As duas únicas exceções foram as Tabelas 5 e 6, nas quais o viés é menor para FA; no entanto, nelas a raiz de EQM é menor para AA. Esse resultado é interessante, pois, uma vez que a abordagem FA teve muito menos problemas de convergência, o fato de as estimativas da variância genética terem sido melhores com a análise AA sugere que esse método não tenha sofrido tanto assim com a lentidão na convergência. Na realidade, essa lentidão parece estar associada com a dificuldade de o algoritmo EM atingir o máximo da função de verossimilhança, permanecendo próximo do máximo, no entanto, relativamente cedo.

Esse aspecto também foi evidenciado pela estimação do componente de variância relativo a blocos. Em 63,0% dos casos, a alternativa AA apresentou as melhores estimativas quanto ao viés e raiz de EQM, em relação à AF. No entanto, mesmo no restante dos casos, o componente foi bem estimado; por exemplo, o viés superou em 10% o valor do parâmetro em apenas 4 casos (Tabelas 2A, 20A, 43A e 53A).

## 5 CONCLUSÕES

- A utilização da teoria de modelos mistos se justifica com o uso de delineamento em blocos aumentados em programas de melhoramento.

- Se a seleção for truncada, e sob condições de herdabilidade baixa a intermediária, justifica-se recuperar a informação interblocos, especialmente com menores diferenças entre blocos.

- Sendo a seleção não-truncada, sob herdabilidade baixa a intermediária, então justifica-se considerar tanto blocos quanto tratamentos regulares como de natureza aleatória, no caso de haver informação molecular disponível para quantificar a similaridade entre as linhagens.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDERSON, C.R.; BANCROFT, T.A. **Statistical theory in research**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1952. 399p.
- BARBOSA, M.H.P. **Capacidade combinatória e comparação entre critérios de seleção de clones de batata (*Solanum tuberosum*. L.)**. Lavras: UFLA, 1996. 141p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).
- BARBIN, D. **Componentes de variância**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993.108p
- BEARZOTI, E. **Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento**. Lavras: ESAL, 1994. 128p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BOYLE, C.R; MONTGOMERY, R.D. An application of the augmented randomized complete block design to poultry research. **Poultry Science**, Champaign, v.75, n.5, p.601-607, May 1996.
- BROWN, K.G. Asymptotic behavior of MINQUE – type estimation of variances components. **Annals of Statistics**, Hayward, v.4, p.746-754, 1976.
- BUENO FILHO, J.S.S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos EM testes de progênies florestais**. Piracicaba: ESALQ, 1997. 118p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- CORBEIL, R.R.; SEARLE, S.R. Restricted maximum likelihood (REML) estimation of variance components in the mixed model. **Technometrics**, Washington, v.18, n.1, p.31-38, Feb. 1976b.
- CORSTEN, L.C.A. Balanced block design with two different number of replicates. **Biometrics**, Washington, v.18, n.4, p.499-519, Dec. 1962.
- DUARTE, J.B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Piracicaba: ESALQ, 2000. 293p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

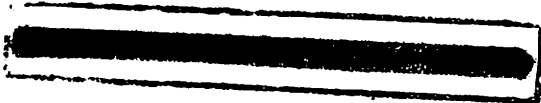
- FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, v.55, p.191-108, 1956.
- FEDERER, W.T.; NAIR, R.C.; RAGHAVARAO, D. Some augmented row-column designs. **Biometrics**, Washington, v.31, n.2, p.361-374, June 1975.
- FEDERER, W.T.; RAGHAVARAO, D. On augmented designs. **Biometrics**, Washington, v.31, n.1, p.29-35, Mar. 1975.
- FERNANDEZ, D.W.X. Modelos de população finitas e máximas verosimilhança restrita no problema de estimativas negativas para componentes de variância. Piracicaba: ESALQ, 1991. 118p. (Dissertação - Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica).
- GIONOLA, D.; FOULLEY, J.L. Variance estimation from integrated likelihood (VEIL). **Génétique, Sélection, Évolution**, Paris, v.22, p.403-417, 1990.
- GONÇALVES, N.M. Comparação de diversas metodologias para a análise de um delineamento aumentado com tratamentos fixos e aleatórios. Brasília: Fundação Universidade de Brasília, 1984. 98p. (Dissertação - Mestrado em Estatística e Métodos Quantitativos).
- HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, London, v.54, p.93-108, 1967.
- HARVILLE, D.A . Maximum likelihood variance component estimation and related problems. **Journal of the American Statistical Association**, Washington, v.72, n.358, p.320-337, June 1977b.
- HAYMAN, B.I. Maximum likelihood estimation of genetic components of variation. **Biometrics**, Washington, v.16, n.3, p.369-381, Sept. 1960.
- HEMMERLE, W.J.; HARTLEY, H.O. Computing maximum likelihood estimates for the mixed A.O.V. using the W Transformation. **Technometrics**, Washinton, v.15, n.4, p.819-831, Nov. 1973.
- HENDERSON, C.R. Applications of linear models in animal breeding. Guelph, Ontario, 1984a.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. **Journal of Dairy science**, 67: 1581, 1986b.

- HENDERSON, C.R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**, **63**: 208, 1986.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Washington, v.9, p.226-252, 1953.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: **ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM**. American Society of Animal Science . Champaign, 1973. P. 10 – 41
- IEMMA, A.F. **Análise de experimentos em parcelas subdivididas com tratamentos principais dispostos em blocos incompletos balanceados**. Piracicaba: ESALQ, 1981. 145p. (Tese - Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica).
- JENNIRICH, R.I.; SAMPSON, P.F. Newton-Raphson and related algorithms for maximum likelihood variance component estimation. **Techometrics**, Washington, v.18, n.1, p.11-17, Feb. 1976.
- KLOTZ, J.; PUTTER, J. Maximum likelihood estimation of multivariate covariance components for the balanced one-way layout. **The Annals of Mathematical Statistics**, Hayward, California, v.40, n.3, p.1100-1105, 1969.
- LIN, C.S.; POUSHINSKY, G. A modified augmented design for an early stage of plant selection involving a large number of test lines without replication. **Biometrics**, Washington, v.39, n.3, p.553-561, Sept. 1983.
- LIN, C.S.; POUSHINSKY, G. A modified augmented design (type 2) for rectangular plots. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.65, p.743-749, 1985.
- MARCOS, E. A **Análise de grupos de experimentos em blocos completos aumentados, através do pacote computacional SAS**. Piracicaba: ESALQ, 1994. 91p. (Dissertação – Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica).
- MATHER, K. **Biometrical genetics**. London: Methuen and Company, 1949. 162p.

- MEYER, K. Between algorithms: a "short cut" restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.69, n.7, p.1904-1916, July 1986.
- MEYER, K. Maximum likelihood estimation of variance components for a multivariate mixed model with equal design matrices. **Biometrics**, Washington, v.41, n.1, p.151, Mar. 1985.
- MEYER, K. Maximum likelihood procedures for estimating genetic parameters for later lactations of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.66, n. 9, p.1888-1897, Sept. 1983.
- MAY, K.W.; KOZUB, G.C. Success of a selection program for increasing grain yield of two-row barley lines and evaluation of the modified augmented design (type 2). **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.75, p.795-799, 1995.
- MILLER, J.J. **Asymptotic properties and computation of maximum likelihood estimates in the mixed model of the analysis of variance**. Stanford: Stanford University, 1973. (Technical Report, 12).
- MOMENTÉ, V. **Comparação entre diferentes tipos de famílias clonais para o melhoramento genético da batata (*Solanum tuberosum*. L)**. Lavras: ESAL, 1994. 83p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- NELDER, J. A. Statistical methods in biometrical genetics. **Heredity**, Essex, v.7, p.111-119, 1953.
- NOGUEIRA, M.C.S. **Análise conjunta para experimentos em blocos casualizados completos aumentados**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1976. 49p. (Dissertação - Mestrado Estatística e Experimentação Agronômica).
- OLIVEIRA, A.C.; BARBIN, D. Experimentos em reticulado quadrado com alguns tratamentos comuns adicionados em cada bloco – análise intrablocos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.23, n.7, p.717-723, jun. 1988.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v.58, n.3, p.545-554, Dec. 1971.

- PAVATE, M.V., Combined analysis of balanced incomplete block designs with some common treatments. **Biometrics**, Washington, v.17, n.1, p.111-119, Mar. 1961.
- PECETTI, L.; ANNICCHIARICO, P.; GORHAM, J. Field heterogeneity of the stress affects genotypic response to salinity in durum wheat. **Cereal Research Communications**, Hungary, v.23, n.1/2, p.173-177, 1995.
- PEREIRA, A. et al. Effect of selection for chip color on some economic traits of potatoes. **Plant Breeding**, Berlin, v.113, p.312-317, 1994.
- PIMENTEL GOMES, F. The solution of normal equations of experimental design models. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v.19, n.3, p.567-573, set. 1967.
- PIMENTEL GOMES, F. An extension of the method of joint analysis of experiments in complete randomized blocks. **Biometrics**, v.26, p.333 – 336, 1970.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13. Ed. Piracicaba: Nobel / USP- ESALQ, 1990. 468 P.
- PIMENTEL GOMES, F.; GUIMARÃES, R.F. Join Analysis of experiments in complete randomized blocks with some common treatments. **Biometrics**, Washington, v.14, p.521-526, 1958.
- RAO, C.R. Estimation of heterocedastic variances in linear models. **Journal of the American Statistical Association**, Boston, v.65, n.329, p.161-172, Mar. 1970.
- RAO, C.R. Estimation of variance and covariance components – MINQUE theory. **Journal of Multivariate Analysis**, New York, v.1, p.257-275, 1971a.
- RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal of Multivariate Analysis**, New York, v.1, p.445-456, 1971b.
- RHEENEN, H.A. et al. Efficiency of duplicated augmented designs in international chickpea screening nurseries. **Indian Journal of Pulses Research**, v.3, p.103 – 106, 1990.

- RHEENEN, H.A. et al. The use of duplicated augmented designs for chick pea (*Cicer arietinum*), lines trials. **Annals Agricultural Research**, v. 15, p.1-7, 1994.
- RIOS, M.C.D. **Alternativas de procedimentos estatísticos para avaliação de genótipos em programas de melhoramento genético vegetal**. Piracicaba: ESALQ, 1997. (Dissertação –Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica).
- ROBINSON, G.K. That BLUP is good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, Hayward, California, v.6, n.1, p. 15-51, 1991.
- ROUSSELLE, B.F.; ROUSSELLE, P. Agronomic and technological evaluation and selection of tetraploid clones of potato (*Solanum tuberosum*. L.) originating from diploid populations. **Agronomie**, Paris, v.15, p.285-293, 1995.
- RUSSEL, T.S.; BRADLEY, R.A. One-way variances in a two-way classification. **Biometrika**, London, v.45, p.111-129, 1958.
- SAHAGUN, C.J.; FREY, K.J. Efficiency of three experimental designs for genotype evaluation. **Rer. Chapingo**, v.15, p. 114-122, 1991.
- SAHAI, H.; THOMPSON, W.O. non-negative maximum likelihood estimators of variance components in a simplelinear model. **The American Statistician**, Washington, v.27, n.3, p.112-113, June 1973.
- SCOTT, R.A.; MILLIKEN, G.A. A SAS program for analyzing augmented randomized complete-block designs. **Crop Science**, Madison, v.33, n.4, p.865-867, July/Aug. 1993.
- SEARLE, S.R. **Linear models for unbalanced data**. New York: John Willey & Sons, 1987.536 p.
- SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Willey & Sons, 1971.532 p.
- SEARLE, S.R.;FAWCETT. R.F. Expected mean square in variance components models having finite populations. **Biometrics**, Raleigh, 26: 234 – 254. 1970.

- 
- SHAEFFER, L.R. Notas de aulas. [Online] 1999. Disponível: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animals/> [Capturado em julho de 2000].
- SMITH, H.F. Na empirical law describing heterogeneity in the yields of agricultural crops. *Journal of agricultural Science*, v.28, p. 1 – 23, 1938.
- SILVA, E.A. **Análise de covariância em delineamentos de blocos completos aumentados (blocos de Federer)**. Piracicaba: ESALQ, 1987. 106p. (Dissertação - Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica).
- SOUZA, E.A. **Alternativas experimentais na avaliação de progênies em programa de melhoramento genético vegetal**. Piracicaba: ESALQ, 1997. 121p. (Tese – Doutorado em Estatística e Experimentação Agrônômica).
- THOPSON, W.A. Jr. The problem of negative estimates of variance components. *The Annals of Mathematical Statistics*, Baltimore, 33: 273, 1962.
- VALENTE, J. **Multiple trait variance-covariance component estimation procedures with missing information for some traits**. Ames: Iowa State University, 1988. 143p. (Tese - Doutorado).
- VERNEQUE, R.S. **Procedimentos numéricos e estimação de componentes de variância em análise multivariada pelo método da máxima verossimilhança restrita – modelos mistos aplicados ao melhoramento animal**. Piracicaba: ESALQ, 1994. 157p. (Tese - Doutorado).
- VIZONI, E. **Análise de experimentos em blocos casualizados completos aumentados (blocos de Federer), com parcelas subdivididas no tempo**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1984. 125p. (Dissertação – Mestrado em ).
- WHITE, T.L.; HODGE, G.R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 1989. 367p.
- WOLFINGER, R.D.; FEDERER, W.T.; CORDERO-BRANA, O. Recovering information in augmented designs, using SAS PROC GLM and PROC MIXED. *Agronomy Journal*, Madison, v.89, n,6, p.856-859, Nov./Dec. 1997.

## ANEXO

### ANEXO ..... PÁGINA

- TABELA 1A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....81
- TABELA 2A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....82
- TABELA 3A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....83
- TABELA 4A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade

0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....84

**TABELA 5A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....85

**TABELA 6A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....86

**TABELA 7A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....87

**TABELA 8A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade

0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....88

**TABELA 9A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....89

**TABELA 10A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....90

**TABELA 11A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....91

**TABELA 12A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade

0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	92
<b>TABELA 13A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	93
<b>TABELA 14A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentado considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	94
<b>TABELA 15A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	95
<b>TABELA 16A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade	

0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....96

**TABELA 17A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....97

**TABELA 18A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....98

**TABELA 19A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....99

**TABELA 20A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade

	0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	100
<b>TABELA 21A</b>	Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	101
<b>TABELA 22A</b>	Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	102
<b>TABELA 23A</b>	Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	103
<b>TABELA 24A</b>	Resultado médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade	

0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....104

**TABELA 25A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....105

**TABELA 26A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....106

**TABELA 27A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A) .....107

**TABELA 28A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade

0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	108
<b>TABELA 29A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	109
<b>TABELA 30A</b> Resultados médios de 100 simulações de delincamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	110
<b>TABELA 31A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	111
<b>TABELA 32A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade	

0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....112

**TABELA 33A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....113

**TABELA 34A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....114

**TABELA 35A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....115

**TABELA 36A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade

0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	116
<b>TABELA 37A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	117
<b>TABELA 38A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	118
<b>TABELA 39A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....	119
<b>TABELA 40A</b> Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade	

0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....120

**TABELA 41A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....121

**TABELA 42A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....122

**TABELA 43A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....123

**TABELA 44A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade

0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 124

**TABELA 45A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 125

**TABELA 46A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 126

**TABELA 47A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 127

**TABELA 48A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 100 linhagens, herdabilidade

0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 128

**TABELA 49A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 129

**TABELA 50A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 130

**TABELA 51A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A)..... 131

**TABELA 52A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade

0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....132

**TABELA 53A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....133

**TABELA 54A** Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados, considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra) como fixo (F) ou aleatório (A).....134

TABELA 1A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-8,60725	-12,09750	-8,60725	-12,71262	-16,49460	-8,60725	-17,43984
erro padrão	17,49720	25,73251	17,49720	25,74626	26,38912	17,49720	26,61014
EQM	442,91036	238,21294	435,13756	237,42721	300,56372	436,87880	297,55858
erro padrão	12,52787	11,50934	12,23316	11,45930	14,76104	12,15268	14,68104
Pearson	0,65583	0,67040	0,65897	0,67191	0,56340	0,65725	0,56509
erro padrão	0,01070	0,00991	0,01077	0,01002	0,01148	0,01078	0,01160
Spearman	0,50940	0,55592	0,51343	0,55739	0,46858	0,51432	0,47122
erro padrão	0,01046	0,01062	0,01063	0,01069	0,01198	0,01069	0,01196
Elites	0,47460	0,40780	0,47080	0,40580	0,29540	0,46980	0,30460
viés	0,10400	0,03720	0,10020	0,03520	-0,07520	0,09920	-0,06600
erro padrão	0,00518	0,00817	0,00553	0,00770	0,01788	0,00552	0,01692
Iterações	-	-	-	-	337,87000	73,01000	354,06000
erro padrão	-	-	-	-	17,66796	14,24179	15,64136
$\hat{\sigma}^2$	348,89715	-	-	-	472,28238	348,89842	469,74524
viés	10,92973	-	-	-	134,31496	10,93100	131,77782
raiz(EQM)	111,20131	-	-	-	188,15209	111,20061	185,00853
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	324,69296	-	333,10939
viés	-	-	-	-	-69,08236	-	-60,66594
raiz(EQM)	-	-	-	-	292,72385	-	285,27348
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	1163,9447	1172,1481
viés	-	-	-	-	-	-73,18913	-64,98570
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	596,89076	624,26921

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos, respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 2A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-20,14625	-25,44641	-20,15010	-25,41089	-28,55441	-20,24217	-28,05365
erro padrão	25,17964	27,70006	25,16493	27,70796	29,04508	25,19036	28,99258
EQM	541,55276	263,17112	533,06733	262,88946	338,60881	550,33975	335,81394
erro padrão	18,66618	12,10585	17,28971	12,10753	16,34614	18,19912	16,14655
Pearson	0,63960	0,64861	0,64346	0,64951	0,53712	0,63760	0,53738
erro padrão	0,01190	0,01221	0,01161	0,01212	0,01283	0,01176	0,01277
Spearman	0,47641	0,51075	0,47977	0,51111	0,42758	0,47664	0,42869
erro padrão	0,01168	0,01345	0,01136	0,01332	0,01444	0,01164	0,01452
Elites	0,38940	0,18340	0,38700	0,18500	0,09560	0,39260	0,09840
Viés	0,16460	-0,04140	0,16220	-0,03980	-0,12920	0,16780	-0,12640
erro padrão	0,00490	0,00577	0,00497	0,00570	0,01180	0,00504	0,01192
Iterações	-	-	-	-	392,42000	167,86000	436,57000
erro padrão	-	-	-	-	16,71048	20,62018	11,85067
$\hat{\sigma}^2$	462,22643	-	-	-	650,26518	449,84368	647,06938
Viés	36,20198	-	-	-	224,24073	23,81924	221,04493
raiz(EQM)	365,29552	-	-	-	304,72212	348,15685	300,50881
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	278,77540	-	285,59602
Viés	-	-	-	-	-116,8288	-	-110,0081
raiz(EQM)	-	-	-	-	313,05213	-	305,21133
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	1357,0912	1395,8552
Viés	-	-	-	-	-	200,69901	239,46299
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	1957,1848	1668,1823

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas;; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, tratamentos regulares e aos blocos, respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 3A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	17,71456	50,09521	17,71456	51,39921	55,64766	17,71456	55,71741
erro padrão	21,61788	27,34196	21,61788	27,36780	27,75002	21,61788	28,10278
EQM	1485,6648	317,27078	1325,3251	316,02743	351,53640	1361,7242	351,75876
erro padrão	38,75961	15,96938	35,88769	15,82876	16,67150	37,07860	17,18584
Pearson	0,42709	0,43108	0,44156	0,43559	0,36471	0,43951	0,36763
erro padrão	0,01345	0,01358	0,01301	0,01353	0,01418	0,01266	0,01406
Spearman	0,33191	0,35177	0,33985	0,35582	0,29144	0,34205	0,29355
erro padrão	0,01309	0,01518	0,01309	0,01533	0,01515	0,01220	0,01509
Elites	0,46220	0,25840	0,46080	0,25920	0,20580	0,46040	0,19960
viés	0,17820	-0,02560	0,17680	-0,02480	-0,07820	0,17640	-0,08440
erro padrão	0,00569	0,00740	0,00534	0,00717	0,01820	0,00504	0,01810
Iterações	-	-	-	-	421,80000	266,46000	434,93000
erro padrão	-	-	-	-	14,30815	21,33474	12,59727
$\hat{\sigma}^2$	1245,6035	-	-	-	1249,4968	1216,3203	1257,3081
viés	62,18364	-	-	-	66,07699	32,90047	73,88824
raiz(EQM)	484,16369	-	-	-	263,94975	444,20249	266,86381
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	496,98934	-	471,95829
viés	-	-	-	-	96,53385	-	71,50280
raiz(EQM)	-	-	-	-	587,84900	-	577,94761
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	452,83579	437,05915
viés	-	-	-	-	-	34,43369	18,65706
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	327,46138	245,96116

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 4A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-24,57223	-31,20856	-24,98604	-31,03263	-25,59649	-24,76029	-26,98595
erro padrão	24,33135	24,99871	24,34204	24,98757	26,80945	24,32644	26,54134
EQM	1496,5129	309,31894	1346,5613	309,07689	350,16286	1411,1769	347,39068
erro padrão	46,89345	17,68958	38,75156	17,63702	19,71944	45,19633	19,33462
Pearson .	0,41741	0,43396	0,43001	0,43387	0,35460	0,42635	0,35691
erro padrão	0,01461	0,01554	0,01569	0,01589	0,01478	0,01528	0,01510
Spearman	0,33732	0,35689	0,35060	0,35816	0,29010	0,34320	0,29426
erro padrão	0,01342	0,01430	0,01444	0,01449	0,01335	0,01408	0,01347
Elites	0,38080	0,00820	0,37820	0,00820	0,04360	0,38120	0,04580
viés	0,23120	-0,14140	0,22860	-0,14140	-0,10600	0,23160	-0,10380
erro padrão	0,00472	0,00113	0,00467	0,00120	0,00862	0,00456	0,00855
Iterações	-	-	-	-	431,03000	338,70000	464,90000
erro padrão	-	-	-	-	14,43965	20,91818	8,83255
$\hat{\sigma}^2$	1305,4448	-	-	-	1411,5539	1138,2887	1403,9455
viés	15,67128	-	-	-	121,78037	-151,4848	114,17201
raiz(EQM)	940,49835	-	-	-	408,13239	753,45022	398,88348
$\hat{\sigma}_1^2$	-	-	-	-	329,43137	-	339,68940
viés	-	-	-	-	-66,98562	-	-56,72759
raiz(EQM)	-	-	-	-	390,12351	-	383,43215
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	417,93951	276,41781
viés	-	-	-	-	-	122,04516	-19,47653
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	752,05744	349,83180

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_1^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 5A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	26,0324	28,75000	26,40324	26,65506	22,80968	26,40324	20,25525
erro padrão	23,85685	26,37813	23,85685	26,42676	26,94959	23,85685	27,48010
EQM	2009,0448	324,52082	1567,6295	319,75413	370,35652	1626,1891	364,88199
erro padrão	5,30033	13,28591	38,47470	13,06831	14,61963	40,93556	13,64378
Pearson	0,39416	0,41273	0,43777	0,43338	0,34914	0,43275	0,36958
erro padrão	0,01161	0,01226	0,01153	0,01230	0,01310	0,01162	0,01281
Spearman	0,30713	0,34124	0,34791	0,36018	0,28884	0,34006	0,30762
erro padrão	0,01246	0,01277	0,01171	0,01276	0,01296	0,01178	0,01242
Elites	0,47060	0,20040	0,46460	0,20700	0,18500	0,46880	0,20080
viés	0,20280	-0,06740	0,19680	-0,06080	-0,08280	0,20100	-0,06700
erro padrão	0,00513	0,00664	0,00561	0,00689	0,01751	0,00581	0,01781
Iterações	-	-	-	-	393,03000	377,58000	470,13000
erro padrão	-	-	-	-	16,97388	18,76247	8,70998
$\hat{\sigma}^2$	1384,0374	-	-	-	1560,5386	1311,0345	1531,0640
viés	-146,9353	-	-	-	29,56582	-219,9382	0,09122
raiz(EQM)	496,72105	-	-	-	319,51468	482,79262	316,59882
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	577,54330	-	591,36794
viés	-	-	-	-	181,73009	-	195,55473
raiz(EQM)	-	-	-	-	650,64879	-	618,75592
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	199,00122	81,75725
viés	-	-	-	-	-	146,72120	29,47723
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	280,32993	103,63752

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 6A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	49,45771	48,48570	49,65185	48,12432	41,19996	49,53236	37,92488
erro padrão	28,96024	29,16281	28,91458	29,18521	29,62702	28,95306	29,74047
EQM	1868,1803	370,39468	1560,7033	368,96968	414,65922	1658,4877	406,90471
erro padrão	53,57681	17,40198	36,36801	17,39820	19,31786	43,43649	18,59079
Pearson	0,40993	0,42400	0,43923	0,42972	0,34982	0,43006	0,35786
erro padrão	0,01427	0,01371	0,01298	0,01337	0,01359	0,01336	0,01309
Spearman	0,28673	0,32060	0,31343	0,32835	0,26473	0,30480	0,27199
erro padrão	0,01305	0,01267	0,01245	0,01277	0,01315	0,01278	0,01284
Elites	0,38760	0,00480	0,37180	0,00560	0,04300	0,37580	0,04400
viés	0,26480	-0,11800	0,24900	-0,11720	-0,07980	0,25300	-0,07880
erro padrão	0,00457	0,00106	0,00430	0,00113	0,00878	0,00453	0,00827
Iterações	-	-	-	-	409,31000	407,48000	488,34000
erro padrão	-	-	-	-	17,69924	16,99387	4,64347
$\hat{\sigma}^2$	1735,4478	-	-	-	1711,8868	1455,2735	1684,0223
viés	154,88993	-	-	-	131,32899	-125,2843	103,46448
raiz(EQM)	1312,1021	-	-	-	391,16863	991,95930	377,89633
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	417,51103	-	435,47004
viés	-	-	-	-	14,70983	-	32,66884
raiz(EQM)	-	-	-	-	579,75299	-	539,50529
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	226,74948	71,09871
viés	-	-	-	-	-	196,10260	40,45183
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	446,53026	120,78601

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 7A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-35,53175	-42,64076	-35,53175	-43,06161	-57,91226	-35,53175	-56,28690
erro padrão	38,26167	54,95436	38,26167	54,86539	55,87658	38,26167	55,10049
EQM	461,23154	265,82333	449,89635	265,02158	440,77231	452,11193	354,44051
erro padrão	11,13435	11,99533	10,78240	11,89670	20,90487	10,83332	16,91798
Pearson	0,68357	0,67852	0,68727	0,67986	0,48900	0,68661	0,50694
erro padrão	0,00818	0,00665	0,00818	0,00666	0,00815	0,00821	0,00872
Spearman	0,51163	0,56045	0,51284	0,56094	0,40862	0,51209	0,41912
erro padrão	0,00821	0,00804	0,00812	0,00799	0,00982	0,00822	0,00997
Elites	0,48300	0,46630	0,48310	0,46310	0,02060	0,48330	0,40270
viés	0,05590	0,03920	0,05600	0,03600	-0,40650	0,05620	-0,02440
erro padrão	0,00364	0,01003	0,00371	0,01012	0,00904	0,00395	0,01241
Iterações	-	-	-	-	24,59000	57,13000	353,92000
erro padrão	-	-	-	-	9,47487	12,15442	15,60504
$\hat{\sigma}^2$	360,52069	-	-	-	617,77397	360,52144	538,68828
viés	18,61130	-	-	-	275,86458	18,61205	196,77889
raiz(EQM)	78,03340	-	-	-	309,27320	78,03361	230,01852
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	8,22479	-	231,87142
viés	-	-	-	-	-390,1434	-	-166,4968
raiz(EQM)	-	-	-	-	397,12213	-	219,58269
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	1180,3980	1164,0796
viés	-	-	-	-	-	-71,16544	-87,48379
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	466,77872	431,44804

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 8A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	52,24204	33,63764	52,24204	33,39176	51,89237	52,24204	50,29570
erro padrão	45,84097	50,20295	45,84097	50,18405	52,47989	45,84097	50,25578
EQM	601,19956	260,89637	582,39551	260,67697	392,27552	598,17333	345,47414
erro padrão	15,59312	10,68952	13,95433	10,67515	17,96552	14,81719	15,29217
Pearson	0,61024	0,62286	0,61532	0,62346	0,45572	0,61116	0,46394
erro padrão	0,01050	0,00950	0,01036	0,00946	0,01001	0,01043	0,01045
Spearman	0,46248	0,51358	0,46646	0,51427	0,37751	0,46468	0,38300
erro padrão	0,00928	0,00959	0,00921	0,00956	0,00967	0,00918	0,00994
Elites	0,44500	0,29420	0,44650	0,29310	0,02370	0,44800	0,12070
viés	0,17380	0,02300	0,17530	0,02190	-0,24750	0,17680	-0,15050
erro padrão	0,00344	0,00996	0,00353	0,00985	0,00755	0,00348	0,01354
Iterações	-	-	-	-	70,11000	119,67000	447,89000
erro padrão	-	-	-	-	16,33920	17,96524	10,69381
$\hat{\sigma}^2$	435,68742	-	-	-	781,61488	434,92526	723,44441
viés	-14,15927	-	-	-	331,76819	-14,92143	273,59772
raiz(EQM)	211,44843	-	-	-	377,38232	211,54405	317,70294
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	29,05794	-	156,25850
viés	-	-	-	-	-370,6126	-	-243,4121
raiz(EQM)	-	-	-	-	384,82250	-	283,79926
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	1114,3930	1068,7873
viés	-	-	-	-	-	-34,44265	-80,04827
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	1157,0690	882,07335

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 9A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-21,27378	-27,17432	-21,27378	-23,94070	-8,59944	-21,27378	-15,87072
erro padrão	35,97972	49,92511	35,97972	50,29430	50,95914	35,97972	50,68180
EQM	1597,5375	352,76415	1387,5720	351,09011	420,03395	1409,3814	386,61037
erro padrão	36,71438	21,54164	30,68838	21,51049	26,74183	32,31063	23,93542
Pearson	0,42839	0,44442	0,45423	0,45085	0,32712	0,45203	0,33626
erro padrão	0,01156	0,01138	0,01157	0,01143	0,01115	0,01144	0,01131
Spearman	0,32448	0,36950	0,34208	0,37503	0,27601	0,34019	0,28009
erro padrão	0,00935	0,00988	0,00885	0,00989	0,01070	0,00876	0,01050
Elites	0,47910	0,36190	0,47870	0,36760	0,02010	0,48010	0,25480
viés	0,10090	-0,01630	0,10050	-0,01060	-0,35810	0,10190	-0,12340
erro padrão	0,00327	0,00706	0,00340	0,00731	0,00807	0,00359	0,01652
Iterações	-	-	-	-	62,19000	185,76000	466,54000
erro padrão	-	-	-	-	15,76838	18,81896	7,79736
$\hat{\sigma}^2$	1186,6223	-	-	-	1438,2316	1182,8313	1362,8978
viés	-5,24253	-	-	-	246,36683	-9,03350	171,03294
raiz(EQM)	260,53490	-	-	-	336,82556	257,95195	281,96309
$\hat{\sigma}_1^2$	-	-	-	-	25,27734	-	258,31799
viés	-	-	-	-	-378,0358	-	-144,9952
raiz(EQM)	-	-	-	-	399,23836	-	269,90066
$\hat{\sigma}_0^2$	-	-	-	-	-	465,12662	430,42361
viés	-	-	-	-	-	43,73876	9,03575
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	268,80437	226,54578

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_1^2$ ,  $\hat{\sigma}_0^2$  : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 10A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	25,75915	38,70335	25,75915	38,30725	43,37789	25,75915	32,04949
erro padrão	44,44860	48,77280	44,44860	48,66498	49,55881	44,44860	49,24006
EQM	1609,2886	325,42684	1439,9708	325,02740	386,04927	1471,4163	360,36746
erro padrão	37,63376	14,18897	29,34759	14,18373	17,22678	32,41786	15,67217
Pearson	0,41827	0,44463	0,43452	0,44523	0,33019	0,43144	0,33444
erro padrão	0,01083	0,01049	0,01048	0,01043	0,00975	0,01040	0,00971
Spearman	0,31084	0,36442	0,32343	0,36484	0,27820	0,32105	0,28115
erro padrão	0,01029	0,01067	0,00996	0,01065	0,00960	0,00984	0,00954
Elites	0,42930	0,09250	0,42800	0,09190	0,00980	0,42980	0,05400
viés	0,22390	-0,11290	0,22260	-0,11350	-0,19560	0,22440	-0,15140
erro padrão	0,00282	0,00490	0,00285	0,00506	0,00511	0,00304	0,00879
Iterações	-	-	-	-	71,76000	355,8600	486,6000
erro padrão	-	-	-	-	16,94633	20,54990	5,12148
$\hat{\sigma}^2$	1195,433	-	-	-	1583,7124	1093,1327	1504,2094
viés	79,30688	-	-	-	308,97231	181,60746	229,46929
raiz(EQM)	58,80299	-	-	-	413,93462	525,700	345,97398
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	37,97603	-	215,89514
viés	-	-	-	-	347,15945	-	169,2403
raiz(EQM)	-	-	-	-	373,32942	-	262,1637
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	293,87901	264,80343
viés	-	-	-	-	-	33,077323	0,99827
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	424,73541	242,46678

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 11A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-72,23517	-53,95529	-72,23517	-51,80583	-50,63512	-72,23517	-48,46436
erro padrão	41,03841	56,38943	41,03841	55,77756	55,09360	41,03841	56,09302
EQM	1979,1913	375,02999	1569,3765	368,59552	431,03037	1595,6616	399,86694
erro padrão	42,61133	19,99641	31,96069	19,43518	22,55748	32,95497	20,22339
Pearson	0,40117	0,42018	0,43936	0,43809	0,31958	0,43661	0,33990
erro padrão	0,01063	0,01028	0,01005	0,00987	0,00970	0,01010	0,00978
Spearman	0,29664	0,34414	0,32186	0,36045	0,26715	0,32209	0,28161
erro padrão	0,01016	0,01203	0,00943	0,01142	0,01027	0,00931	0,00981
Elites	0,48320	0,34250	0,48670	0,34990	0,01800	0,48440	0,25110
Viés	0,10910	-0,03160	0,11260	-0,02420	-0,35610	0,11030	-0,12300
erro padrão	0,00361	0,00859	0,00375	0,00864	0,00761	0,00379	0,01735
Iterações	-	-	-	-	32,68000	424,17000	478,62000
erro padrão	-	-	-	-	11,41763	14,74994	6,37355
$\hat{\sigma}^2$	1577,8851	-	-	-	1772,5711	1499,5624	1669,0181
Viés	40,61277	-	-	-	235,29875	-37,70996	131,74569
raiz(EQM)	386,59215	-	-	-	342,62915	334,22541	275,41368
$\hat{\sigma}_1^2$	-	-	-	-	25,47607	-	303,42264
Viés	-	-	-	-	-371,9658	-	-94,01926
raiz(EQM)	-	-	-	-	397,72453	-	285,46272
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	98,58209	69,90760
Viés	-	-	-	-	-	46,08695	17,41246
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	147,03090	84,93676

1. (c) : análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_1^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$  : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 12A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-0,23102	24,61772	-0,23102	24,77446	41,60001	-0,23102	32,89176
erro padrão	47,95369	51,88206	47,95369	51,85794	55,05085	47,95369	52,95756
EQM	2032,8331	353,82030	1566,0584	352,40708	413,46435	1677,5655	383,53648
erro padrão	50,61443	17,19720	28,71194	17,00953	21,61446	35,89889	18,06890
Pearson	0,37269	0,40462	0,41152	0,40915	0,31622	0,40179	0,32444
erro padrão	0,01211	0,01166	0,01171	0,01160	0,01081	0,01203	0,01072
Spearman	0,28476	0,33952	0,31528	0,34177	0,26934	0,30643	0,27383
erro padrão	0,01037	0,01179	0,01044	0,01162	0,01073	0,01065	0,01054
Elites	0,43110	0,05910	0,42350	0,06140	0,00350	0,42510	0,07250
viés	0,23490	-0,13710	0,22730	-0,13480	-0,19270	0,22890	-0,12370
erro padrão	0,00345	0,00324	0,00328	0,00307	0,00241	0,00318	0,00989
Iterações	-	-	-	-	71,73000	401,87000	488,32000
erro padrão	-	-	-	-	17,27955	17,28838	4,91992
$\hat{\sigma}^2$	1686,0657	-	-	-	1866,9414	1526,6336	1735,9322
viés	105,93914	-	-	-	286,81483	-53,49300	155,80558
raiz(EQM)	763,17984	-	-	-	405,87539	617,07685	311,05511
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	21,56939	-	288,93154
viés	-	-	-	-	-380,1875	-	-112,8254
raiz(EQM)	-	-	-	-	391,47384	-	277,58247
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	252,08535	42,89240
viés	-	-	-	-	-	225,18420	15,99126
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	457,62930	57,27566

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 13A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-57,06004	-118,9398	-57,06004	-120,1667	-101,5794	-57,06004	-86,65688
erro padrão	68,95924	98,50852	68,95924	99,13264	107,90036	68,95924	103,05338
EQM	470,80016	253,12900	463,32058	252,94718	404,40524	464,03124	345,84940
erro padrão	10,07618	8,89669	9,68534	8,90644	15,43235	9,68536	12,35455
Pearson	0,66287	0,64610	0,66583	0,64712	0,43330	0,66566	0,43256
erro padrão	0,00673	0,00529	0,00661	0,00526	0,00648	0,00662	0,00633
Spearman	0,49826	0,56988	0,50176	0,57143	0,39750	0,50167	0,39309
erro padrão	0,00571	0,00616	0,00563	0,00605	0,00700	0,00562	0,00686
Elites	0,49505	0,46925	0,49590	0,46910	0,04640	0,49590	0,45400
viés	0,04570	0,01990	0,04655	0,01975	-0,40295	0,04655	0,00465
erro padrão	0,00333	0,00967	0,00342	0,00972	0,01335	0,00336	0,00795
Iterações	-	-	-	-	39,44000	74,57000	328,11000
erro padrão	-	-	-	-	11,76257	14,95765	15,37726
$\hat{\sigma}^2$	346,20221	-	-	-	580,49560	346,20232	529,18592
viés	-0,64916	-	-	-	233,64423	-0,64905	182,33455
raiz(EQM)	53,69802	-	-	-	254,93560	53,69694	200,50797
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	17,70622	-	153,14275
viés	-	-	-	-	-386,4200	-	-250,9835
raiz(EQM)	-	-	-	-	394,40781	-	265,62022
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	1252,1957	1266,3392
viés	-	-	-	-	-	-17,45787	-3,31437
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	321,38342	312,37605

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 14A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentado considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	21,71386	25,64580	21,71386	25,92277	39,77957	21,71386	44,63442
erro padrão	85,38528	87,63899	85,38528	87,68732	96,26004	85,38528	93,02497
EQM	609,19777	240,79720	591,83042	240,65584	367,43777	601,08186	328,49813
erro padrão	13,23474	7,82156	12,63744	7,81390	13,20868	13,28197	11,80840
Pearson	0,61023	0,62249	0,61605	0,62295	0,42010	0,61287	0,42044
erro padrão	0,00723	0,00576	0,00714	0,00574	0,00673	0,00731	0,00673
Spearman	0,46555	0,55829	0,47126	0,55881	0,38630	0,46836	0,38426
erro padrão	0,00652	0,00722	0,00658	0,00721	0,00782	0,00681	0,00769
Elites	0,46775	0,40650	0,46880	0,40645	0,06165	0,46985	0,26255
viés	0,12245	0,06120	0,12350	0,06115	-0,28365	0,12455	-0,08275
erro padrão	0,00270	0,01018	0,00279	0,01017	0,01277	0,00269	0,01351
Iterações	-	-	-	-	99,93000	103,24000	433,38000
erro padrão	-	-	-	-	18,82388	17,34520	10,30814
$\hat{\sigma}^2$	443,45778	-	-	-	762,81311	443,45933	714,81897
viés	-7,30605	-	-	-	312,04929	-7,30450	264,05515
raiz(EQM)	136,20563	-	-	-	340,10314	136,20662	290,18074
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	29,48615	-	128,18705
viés	-	-	-	-	-370,9992	-	-272,2984
raiz(EQM)	-	-	-	-	381,29718	-	284,92761
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	1173,7363	1164,0209
viés	-	-	-	-	-	22,55848	12,84300
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	653,10208	590,65566

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 15A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	105,66045	130,77037	105,66045	127,15777	158,85650	105,66045	143,89150
erro padrão	68,51696	93,37369	68,51696	92,93466	94,53100	68,51696	93,21551
EQM	1590,8977	322,10329	1395,8610	319,44212	387,70170	1405,0816	363,04139
erro padrão	31,11303	9,62886	25,84869	9,55448	12,04702	26,10092	11,41240
Pearson	0,43471	0,44507	0,45628	0,45325	0,30389	0,45411	0,30805
erro padrão	0,00667	0,00746	0,00668	0,00730	0,00739	0,00672	0,00726
Spearman	0,32821	0,40513	0,34349	0,41125	0,27934	0,34176	0,28080
erro padrão	0,00630	0,00798	0,00628	0,00776	0,00817	0,00621	0,00806
Elites	0,49300	0,43355	0,49155	0,43440	0,04850	0,49260	0,35930
viés	0,10420	0,04475	0,10275	0,04560	-0,34030	0,10380	-0,02950
erro padrão	0,00294	0,00969	0,00315	0,01009	0,01316	0,00324	0,01106
Iterações	-	-	-	-	66,80000	188,39000	477,53000
erro padrão	-	-	-	-	16,74561	18,27589	6,43943
$\hat{\sigma}^2$	1220,9141	-	-	-	1435,1597	1220,9068	1387,7445
viés	34,02942	-	-	-	248,27510	34,02220	200,85983
raiz(EQM)	205,48911	-	-	-	280,70616	205,48531	240,21777
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	21,54944	-	165,81056
viés	-	-	-	-	-380,0785	-	-235,8174
raiz(EQM)	-	-	-	-	388,68595	-	265,13487
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	414,22199	411,46266
viés	-	-	-	-	-	-5,40512	-8,16444
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	163,62076	130,49362

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 16A : Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-20,89147	-64,17962	-20,89147	-67,83938	-26,93684	-20,89147	-39,32574
erro padrão	93,94425	99,86120	93,94425	100,05419	104,54044	93,94425	103,03093
EQM	1734,7897	344,88531	1481,0368	344,30461	416,76180	1529,8190	396,21797
erro padrão	36,26026	11,64912	25,69178	11,63929	13,90057	26,85561	13,28255
Pearson	0,42777	0,46467	0,45815	0,46667	0,31001	0,45034	0,30937
erro padrão	0,00738	0,00677	0,00716	0,00679	0,00678	0,00716	0,00674
Spearman	0,32357	0,41652	0,34739	0,41825	0,28734	0,34136	0,28733
erro padrão	0,00688	0,00819	0,00654	0,00814	0,00783	0,00647	0,00766
Elites	0,46730	0,26590	0,46380	0,26560	0,03880	0,46375	0,13230
viés	0,16965	-0,03175	0,16615	-0,03205	-0,25885	0,16610	-0,16535
erro padrão	0,00229	0,00813	0,00236	0,00820	0,00936	0,00232	0,01220
Iterações	-	-	-	-	126,02000	304,18000	490,58000
erro padrão	-	-	-	-	21,16025	21,56885	4,22971
$\hat{\sigma}^2$	1300,5588	-	-	-	1642,8473	1264,5806	1593,8881
viés	-13,28895	-	-	-	328,99962	-49,26715	280,04042
raiz(EQM)	518,64511	-	-	-	376,33883	452,29881	329,91538
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	44,90498	-	156,68312
viés	-	-	-	-	-352,0460	-	-240,2679
raiz(EQM)	-	-	-	-	367,43249	-	262,50392
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	352,60999	290,52845
viés	-	-	-	-	-	78,65380	16,57227
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	347,24897	200,77150

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 17A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-110,5416	-165,5199	-110,5416	-168,9252	-149,9805	-110,5416	-149,2870
erro padrão	76,02070	98,76048	76,02070	99,12721	104,74066	76,02070	100,51844
EQM	2060,1394	336,46653	1589,2404	330,41632	395,15710	1609,0408	369,55540
erro padrão	47,36509	10,42933	32,44676	10,22581	12,13814	33,88542	11,36075
Pearson	0,39670	0,41707	0,44307	0,43911	0,28257	0,44048	0,29652
erro padrão	0,00627	0,00704	0,00576	0,00684	0,00749	0,00593	0,00710
Spearman	0,30094	0,37609	0,33355	0,39502	0,26076	0,33184	0,27386
erro padrão	0,00640	0,00812	0,00619	0,00793	0,00786	0,00627	0,00741
Elites	0,48975	0,42110	0,49185	0,42225	0,03355	0,49340	0,36595
viés	0,06460	-0,00405	0,06670	-0,00290	-0,39160	0,06825	-0,05920
erro padrão	0,00275	0,01073	0,00296	0,01127	0,01042	0,00306	0,01150
Iterações	-	-	-	-	49,53000	439,50000	484,77000
erro padrão	-	-	-	-	14,34417	12,82223	5,69875
$\hat{\sigma}^2$	1530,7844	-	-	-	1778,6724	1486,9957	1704,4531
viés	-15,51140	-	-	-	232,37661	-59,30003	158,15736
raiz(EQM)	263,05479	-	-	-	298,13489	229,00625	236,54062
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	18,85507	-	212,58135
viés	-	-	-	-	-380,9197	-	-187,1934
raiz(EQM)	-	-	-	-	394,06318	-	243,26470
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	97,14612	55,47826
viés	-	-	-	-	-	44,34285	2,67499
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	129,55385	53,11489

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$  : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 18A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,2, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-43,96728	23,17778	-43,96728	17,49641	-36,46883	-43,96728	-14,71599
erro padrão	95,94339	101,96964	95,94339	102,43949	104,11882	95,94339	102,2283
EQM	2087,4293	344,10947	1644,5530	342,79582	402,40535	1694,7420	382,1142
erro padrão	43,12317	10,10592	29,19216	10,08676	12,21728	31,73998	11,53804
Pearson	0,38559	0,41471	0,42614	0,41942	0,27256	0,42150	0,27653
erro padrão	0,00688	0,00794	0,00660	0,00771	0,00780	0,00680	0,00773
Spearman	0,28964	0,36811	0,32159	0,37159	0,24562	0,31820	0,24875
erro padrão	0,00707	0,00883	0,00625	0,00858	0,00805	0,00663	0,00784
Elites	0,47250	0,26565	0,46390	0,26610	0,01885	0,46375	0,15765
viés	0,17725	-0,02960	0,16865	-0,02915	-0,27640	0,16850	-0,13760
erro padrão	0,00233	0,00798	0,00234	0,00809	0,00598	0,00252	0,01257
Iterações	-	-	-	-	91,67000	424,61000	495,8300
erro padrão	-	-	-	-	19,13114	15,49763	2,41181
$\hat{\sigma}^2$	1603,4168	-	-	-	1916,7852	1480,0315	1829,417
viés	-18,82926	-	-	-	294,53919	-142,2145	207,1714
raiz(EQM)	474,10505	-	-	-	349,45328	444,18706	269,9396
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	26,76968	-	202,5169
viés	-	-	-	-	-385,6964	-	-209,9491
raiz(EQM)	-	-	-	-	395,78134	-	250,5872
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	139,05488	37,41152
viés	-	-	-	-	-	111,43666	9,79330
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	258,66213	42,85274

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 19A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	18,12344	16,94100	18,12344	17,61520	19,15150	18,12344	19,76066
erro padrão	16,99475	28,86778	16,99475	28,88751	31,55147	16,99475	31,79727
EQM	126,04178	128,73863	122,69556	127,61451	237,74021	123,18332	212,52518
erro padrão	3,56102	6,85859	3,61986	6,83593	15,39473	3,60075	12,00139
Pearson	0,85731	0,85857	0,86066	0,86025	0,73363	0,86009	0,74282
erro padrão	0,00642	0,00554	0,00636	0,00559	0,00933	0,00633	0,00900
Spearman	0,70955	0,72463	0,71292	0,72702	0,60587	0,71210	0,61146
erro padrão	0,00920	0,00894	0,00911	0,00884	0,01271	0,00896	0,01222
Elites	0,47620	0,47120	0,47820	0,47160	0,37560	0,47740	0,44120
viés	0,07580	0,07080	0,07780	0,07120	-0,02480	0,07700	0,04080
erro padrão	0,00502	0,01156	0,00488	0,01182	0,01913	0,00464	0,01268
Iterações	-	-	-	-	206,79000	67,81000	233,90000
erro padrão	-	-	-	-	17,57530	13,59558	14,97562
$\hat{\sigma}^2$	86,27748	-	-	-	214,88306	86,27771	199,62304
viés	-1,70677	-	-	-	126,89881	-1,70655	111,63878
raiz(EQM)	30,55021	-	-	-	160,06254	30,55015	133,23423
$\hat{\sigma}_1^2$	-	-	-	-	313,75405	-	356,42123
viés	-	-	-	-	-96,29764	-	-53,63046
raiz(EQM)	-	-	-	-	283,00029	-	251,37253
$\hat{\sigma}_6^2$	-	-	-	-	-	321,18956	317,41367
viés	-	-	-	-	-	-0,87787	-4,65376
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	153,59968	156,95891

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_1^2$ ,  $\hat{\sigma}_6^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 20A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-46,06251	-55,11928	-46,09300	-54,96739	-53,36534	-46,19230	-53,13979
erro padrão	20,48655	23,84444	20,47903	23,82274	24,07260	20,47803	23,72916
EQM	151,89560	126,82965	149,55288	126,35271	263,27009	154,06342	253,94722
erro padrão	4,28359	5,81778	4,29002	5,80720	14,27617	4,52631	13,41474
Pearson	0,82098	0,82806	0,82369	0,82905	0,68277	0,82008	0,68565
erro padrão	0,00816	0,00722	0,00811	0,00719	0,00969	0,00830	0,00963
Spearman	0,66151	0,68362	0,66370	0,68505	0,56564	0,65774	0,56674
erro padrão	0,00856	0,00850	0,00853	0,00855	0,01048	0,00937	0,01057
Elites	0,41200	0,35260	0,41000	0,35500	0,15280	0,41260	0,17060
viés	0,08460	0,02520	0,08260	0,02760	-0,17460	0,08520	-0,15680
erro padrão	0,00523	0,00949	0,00520	0,00942	0,01539	0,00537	0,01505
Iterações	-	-	-	-	373,33000	141,61000	410,45000
erro padrão	-	-	-	-	16,82121	19,30505	11,58234
$\hat{\sigma}^2$	115,14751	-	-	-	324,89807	111,86713	318,22862
Viés	4,62215	-	-	-	214,37271	1,34177	207,70325
Raiz(EQM)	90,76297	-	-	-	249,39647	88,10125	241,89608
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	176,47122	-	191,41462
Viés	-	-	-	-	-234,062	-	-219,1186
Raiz(EQM)	-	-	-	-	305,10872	-	289,09694
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	342,64579	351,32109
Viés	-	-	-	-	-	42,63797	51,31327
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	342,14816	348,93580

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 21A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	13,98912	4,34471	13,98912	4,64214	2,11381	13,98912	-0,39477
erro padrão	18,79375	28,83861	18,79375	28,70895	29,28114	18,79375	28,93229
EQM	381,10685	238,36393	339,82280	231,88248	309,71267	349,98633	283,24743
erro padrão	10,16533	14,01636	8,45207	13,59448	18,29295	8,61472	15,17797
Pearson	0,68508	0,68401	0,70639	0,69602	0,56809	0,70181	0,58333
erro padrão	0,01211	0,01160	0,01186	0,01158	0,01128	0,01207	0,01207
Spearman	0,53758	0,57068	0,56022	0,58039	0,47152	0,55731	0,48443
erro padrão	0,01132	0,01119	0,01098	0,01110	0,01141	0,01064	0,01148
Elites	0,47660	0,40400	0,46840	0,40240	0,28380	0,47120	0,31900
viés	0,10860	0,03600	0,10040	0,03440	-0,08420	0,10320	-0,04900
erro padrão	0,00548	0,00743	0,00551	0,00780	0,01767	0,00535	0,01582
Iterações	-	-	-	-	324,99000	238,04000	339,02000
erro padrão	-	-	-	-	18,44969	20,76341	15,94553
$\hat{\sigma}^2$	313,44644	-	-	-	448,87809	309,68245	432,15020
viés	16,01749	-	-	-	151,44915	12,25351	134,72126
raiz(EQM)	98,73671	-	-	-	214,55094	95,15300	188,44032
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	311,56434	-	358,88630
viés	-	-	-	-	-91,02162	-	-43,69966
raiz(EQM)	-	-	-	-	381,79643	-	374,86215
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	103,18739	110,22747
viés	-	-	-	-	-	-1,96962	5,07045
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	89,71985	74,35358

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 22A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	41,66654	49,70388	41,96667	50,10905	52,17804	41,85777	50,43000
erro padrão	24,95039	27,82060	24,91547	27,80493	28,44679	24,94061	27,90322
EQM	408,86190	242,39696	369,20074	240,43577	335,49661	388,08128	323,06138
erro padrão	12,79001	11,55587	10,61548	11,41712	17,64118	11,57392	17,06828
Pearson	0,69583	0,70456	0,71609	0,70875	0,59198	0,70639	0,59818
erro padrão	0,01059	0,00943	0,00980	0,00939	0,01167	0,00987	0,01147
Spearman	0,54169	0,57265	0,56050	0,57500	0,46815	0,55051	0,47360
erro padrão	0,01106	0,01195	0,01118	0,01192	0,01285	0,01118	0,01281
Elites	0,40820	0,24720	0,40340	0,24720	0,12120	0,40420	0,13240
viés	0,18700	0,02600	0,18220	0,02600	-0,10000	0,18300	-0,08880
erro padrão	0,00447	0,00807	0,00507	0,00820	0,01394	0,00478	0,01369
Iterações	-	-	-	-	377,61000	358,93000	444,18000
erro padrão	-	-	-	-	17,88758	20,58091	11,16033
$\hat{\sigma}^2$	341,56937	-	-	-	571,58794	295,72578	555,82355
viés	19,25124	-	-	-	249,26981	-26,59235	233,50542
raiz(EQM)	234,85887	-	-	-	322,69022	194,22673	305,80731
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	260,03682	-	286,38386
viés	-	-	-	-	-136,2262	-	-109,8791
raiz(EQM)	-	-	-	-	310,90989	-	288,03429
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	98,59796	86,13847
viés	-	-	-	-	-	24,65311	12,19362
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	168,59355	97,51389

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 23A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-13,84872	5,25343	-13,84872	6,91956	9,76021	-13,84872	10,63446
erro padrão	19,37681	25,91696	19,37681	25,59950	27,52478	19,37681	27,49503
EQM	519,47003	229,82828	400,88650	218,68265	287,37642	416,68435	275,41428
erro padrão	17,29370	9,69071	11,14553	9,27591	13,50401	12,95853	13,18140
Pearson	0,61550	0,63193	0,66977	0,65806	0,53029	0,66264	0,55302
erro padrão	0,01147	0,01041	0,00988	0,01013	0,01178	0,01033	0,01218
Spearman	0,47837	0,52049	0,52253	0,53915	0,44055	0,51624	0,45866
erro padrão	0,01292	0,01206	0,01177	0,01162	0,01249	0,01199	0,01273
Elites	0,46140	0,39820	0,45360	0,40120	0,28160	0,45800	0,30660
viés	0,09940	0,03620	0,09160	0,03920	-0,08040	0,09600	-0,05540
erro padrão	0,00566	0,00730	0,00584	0,00760	0,01870	0,00614	0,01769
Iterações	-	-	-	-	367,86000	401,94000	442,16000
erro padrão	-	-	-	-	16,62828	16,87137	11,90766
$\hat{\sigma}^2$	399,31005	-	-	-	507,62135	377,75111	494,73846
viés	8,71011	-	-	-	117,02141	-12,84883	104,13853
raiz(EQM)	136,11561	-	-	-	188,33454	120,14723	175,96193
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	307,98181	-	324,16510
viés	-	-	-	-	-95,95643	-	-79,77313
raiz(EQM)	-	-	-	-	312,74576	-	295,74868
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	41,14545	25,07667
viés	-	-	-	-	-	27,80715	11,73837
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	67,88183	30,84086

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$  : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 24A: Resultado médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	23,62521	20,93150	23,44384	21,13585	14,96555	23,50782	16,86176
erro padrão	22,06486	24,06078	22,04685	24,21734	24,53559	22,03727	24,74038
EQM	479,71055	235,83207	404,14558	232,39196	298,75806	430,67952	294,61947
erro padrão	13,36337	12,31546	9,40338	11,99760	18,64110	11,32287	18,24273
Pearson	0,62326	0,63538	0,65298	0,64395	0,53415	0,64164	0,54371
erro padrão	0,01398	0,01132	0,01199	0,01134	0,01302	0,01300	0,01280
Spearman	0,47008	0,51278	0,49423	0,51963	0,42844	0,48513	0,43678
erro padrão	0,01281	0,01193	0,01111	0,01154	0,01271	0,01182	0,01280
Elites	0,39820	0,20120	0,39840	0,20260	0,10360	0,39640	0,11000
viés	0,17780	-0,01920	0,17800	-0,01780	-0,11680	0,17600	-0,11040
erro padrão	0,00440	0,00678	0,00464	0,00666	0,01155	0,00454	0,01198
Iterações	-	-	-	-	401,59000	394,97000	474,41000
erro padrão	-	-	-	-	16,06572	18,77282	6,97838
$\hat{\sigma}^2$	383,31625	-	-	-	583,07049	320,80771	569,92469
viés	4,32489	-	-	-	204,07913	-58,18365	190,93333
raiz(EQM)	298,55895	-	-	-	278,42509	232,20755	268,90261
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	250,81599	-	262,66503
viés	-	-	-	-	-135,5239	-	-123,6749
raiz(EQM)	-	-	-	-	275,34876	-	271,55431
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	68,53092	20,14799
viés	-	-	-	-	-	61,18231	12,79938
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	142,76940	39,38554

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$  : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 25A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-16,64115	-18,34245	-16,64115	-18,07848	-17,86522	-16,64115	-15,82347
erro padrão	38,16705	56,35437	38,16705	56,43689	59,14607	38,16705	57,00827
EQM	126,81021	137,18660	124,88618	136,45018	375,73896	125,67396	272,20405
erro padrão	3,48048	6,28056	3,38685	6,23102	15,55959	3,44488	12,33970
Pearson	0,86339	0,84985	0,86522	0,85120	0,59580	0,86447	0,62503
erro padrão	0,00466	0,00400	0,00459	0,00396	0,00673	0,00457	0,00716
Spearman	0,70972	0,72711	0,71251	0,72881	0,49965	0,71141	0,51895
erro padrão	0,00607	0,00569	0,00607	0,00570	0,00741	0,00599	0,00759
Elites	0,48790	0,48260	0,48640	0,48220	0,07880	0,48740	0,47130
viés	0,04850	0,04320	0,04700	0,04280	-0,36060	0,04800	0,03190
erro padrão	0,00396	0,01173	0,00411	0,01163	0,01823	0,00425	0,00825
Iterações	-	-	-	-	26,44000	61,28000	168,79000
erro padrão	-	-	-	-	6,85620	12,94081	12,06857
$\hat{\sigma}^2$	88,36879	-	-	-	302,81576	88,36901	240,17531
viés	3,53790	-	-	-	217,98487	3,53811	155,34442
raiz(EQM)	18,73619	-	-	-	233,92376	18,73630	170,84151
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	37,57227	-	192,75422
viés	-	-	-	-	-357,7831	-	-202,6012
raiz(EQM)	-	-	-	-	371,19746	-	222,85322
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	297,40020	299,32370
viés	-	-	-	-	-	-13,12432	-11,20081
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	108,95706	110,28319

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 26A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-21,92074	-62,88327	-21,92074	-63,21705	-32,71853	-21,92074	-45,22680
erro padrão	51,96440	52,53187	51,96440	52,50263	58,72233	51,96440	56,63542
EQM	169,31139	143,85680	165,67047	143,37246	392,72360	171,58851	316,99316
erro padrão	5,31398	7,25089	5,26141	7,23116	22,14967	5,86038	18,47039
Pearson	0,84033	0,83613	0,84344	0,83692	0,58725	0,83889	0,60628
erro padrão	0,00527	0,00433	0,00526	0,00433	0,00671	0,00551	0,00727
Spearman	0,67846	0,71419	0,68372	0,71517	0,49197	0,67814	0,50405
erro padrão	0,00674	0,00532	0,00646	0,00529	0,00800	0,00669	0,00790
Elites	0,45060	0,40620	0,45170	0,40670	0,03610	0,45220	0,24910
viés	0,08340	0,03900	0,08450	0,03950	-0,33110	0,08500	-0,11810
erro padrão	0,00458	0,01028	0,00445	0,01015	0,00993	0,00435	0,01328
Iterações	-	-	-	-	56,61000	147,51000	385,37000
erro padrão	-	-	-	-	14,18074	19,81288	14,04116
$\hat{\sigma}^2$	107,03369	-	-	-	442,16497	106,55971	386,36365
viés	-4,70460	-	-	-	330,42668	-5,17858	274,62535
raiz(EQM)	50,84071	-	-	-	376,05152	50,29853	317,50831
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	21,85677	-	136,75258
viés	-	-	-	-	-375,2430	-	-260,3472
raiz(EQM)	-	-	-	-	384,56371	-	281,78828
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	266,48682	280,80385
viés	-	-	-	-	-	-18,87470	-4,55766
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	247,90890	247,44481

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas,, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 27A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-42,15256	-17,10524	-42,15256	-13,30745	-48,57337	-42,15256	-20,61709
erro padrão	32,37830	46,91105	32,37830	46,24727	49,13159	32,37830	47,09328
EQM	388,27178	229,59712	347,04507	224,59319	393,21853	353,32469	308,55679
erro padrão	7,68794	9,22716	7,04332	9,02522	17,48233	7,10653	12,65135
Pearson	0,69366	0,68465	0,71213	0,69293	0,49986	0,70874	0,52402
erro padrão	0,00755	0,00768	0,00747	0,00757	0,00854	0,00754	0,00895
Spearman	0,52177	0,56654	0,53790	0,57276	0,41312	0,53476	0,42658
erro padrão	0,00764	0,00822	0,00778	0,00808	0,00885	0,00784	0,00882
Elites	0,48900	0,47860	0,48990	0,48240	0,03730	0,48890	0,43400
viés	0,05770	0,04730	0,05860	0,05110	-0,39400	0,05760	0,00270
erro padrão	0,00361	0,00996	0,00386	0,01000	0,01281	0,00388	0,01213
Iterações	-	-	-	-	24,09000	267,84000	332,86000
erro padrão	-	-	-	-	8,59154	20,03296	16,12497
$\hat{\sigma}^2$	318,67137	-	-	-	534,43087	315,03239	464,26582
viés	24,97479	-	-	-	240,73429	21,33581	170,56924
raiz(EQM)	78,14857	-	-	-	268,24350	72,34747	192,64689
$\hat{\sigma}_t^2$	-	-	-	-	19,76619	-	215,91862
viés	-	-	-	-	-377,7678	-	-181,6154
raiz(EQM)	-	-	-	-	389,95634	-	230,02026
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	87,75043	93,36420
viés	-	-	-	-	-	-16,08699	-10,47322
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	62,65062	51,37083

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas; EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 28A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-65,81934	-80,36922	-65,81934	-80,67459	-64,95492	-65,81934	-76,09479
erro padrão	43,08315	46,79411	43,08315	46,76461	48,25986	43,08315	47,87411
EQM	433,92478	227,81930	380,61542	226,77051	379,87384	396,61214	324,79710
erro padrão	10,56488	9,81865	7,94312	9,75326	18,61435	8,93443	16,20649
Pearson	0,66769	0,68286	0,69044	0,68494	0,50435	0,68391	0,51786
erro padrão	0,00855	0,00712	0,00826	0,00722	0,00803	0,00823	0,00828
Spearman	0,51041	0,56785	0,52994	0,56868	0,42188	0,52349	0,42773
erro padrão	0,00799	0,00819	0,00806	0,00837	0,00869	0,00793	0,00866
Elites	0,43710	0,33500	0,43890	0,33570	0,04200	0,43670	0,17640
viés	0,12630	0,02420	0,12810	0,02490	-0,26880	0,12590	-0,13440
erro padrão	0,00373	0,00891	0,00354	0,00875	0,01106	0,00365	0,01405
Iterações	-	-	-	-	63,28000	302,72000	421,88000
erro padrão	-	-	-	-	14,94632	21,79417	11,95776
$\hat{\sigma}^2$	330,23254	-	-	-	641,68086	302,66336	577,54162
viés	3,40656	-	-	-	314,85487	-24,16262	250,71564
raiz(EQM)	191,12139	-	-	-	358,73353	159,45558	295,99137
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	36,24230	-	169,58886
viés	-	-	-	-	-358,7316	-	-225,3850
raiz(EQM)	-	-	-	-	376,38255	-	260,68372
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	21,88390	-0,23564
viés	-	-	-	-	-	21,88390	-0,23564
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	113,23102	56,29625

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 29A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-23,17393	-10,76335	-23,17393	-12,68788	-33,63434	-23,17393	-22,72678
Erro padrão	35,57297	48,67145	35,57297	48,68390	52,15749	35,57297	51,21672
EQM	507,20438	260,75057	400,17913	248,09213	412,40948	405,69288	321,81477
Erro padrão	12,12678	10,02616	9,19675	9,66189	17,42043	9,41181	11,97908
Pearson	0,65236	0,65329	0,70085	0,68193	0,48808	0,69789	0,52153
erro padrão	0,00745	0,00659	0,00598	0,00566	0,00788	0,00613	0,00806
Spearman	0,49046	0,54211	0,53049	0,56719	0,40892	0,52737	0,43007
erro padrão	0,00807	0,00836	0,00711	0,00743	0,00934	0,00742	0,00865
Elites	0,48580	0,45860	0,48000	0,45530	0,04650	0,48120	0,41660
viés	0,06770	0,04050	0,06190	0,03720	-0,37160	0,06310	-0,00150
erro padrão	0,00402	0,00947	0,00409	0,00969	0,01289	0,00418	0,01151
Iterações	-	-	-	-	59,66000	419,72000	437,79000
erro padrão	-	-	-	-	15,19703	14,13148	12,16114
$\hat{\sigma}^2$	407,35816	-	-	-	632,72826	386,49999	546,65527
viés	20,37314	-	-	-	245,74324	-0,48503	159,67025
raiz(EQM)	94,30265	-	-	-	275,67903	78,46225	187,15677
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	24,26827	-	247,20905
viés	-	-	-	-	-375,9316	-	-152,9908
raiz(EQM)	-	-	-	-	388,79744	-	209,95306
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	25,98800	18,12164
viés	-	-	-	-	-	12,77314	4,90678
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	36,16210	21,29316

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativas ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elite: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 30A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	21,50240	18,81782	21,50240	18,82092	41,48645	21,50240	27,32192
Erro padrão	45,55722	47,89998	45,55722	48,10336	50,52673	45,55722	49,07968
EQM	531,91567	240,80923	416,59411	236,64493	383,95656	439,06520	327,19804
Erro padrão	13,68879	10,77412	8,85321	10,67763	17,24558	10,05263	15,55149
Pearson	0,62581	0,65179	0,67756	0,66304	0,47678	0,66562	0,49478
Erro padrão	0,01005	0,00791	0,00820	0,00758	0,00901	0,00887	0,00923
Spearman	0,47522	0,54158	0,51855	0,55196	0,40137	0,51132	0,41457
Erro padrão	0,00962	0,00883	0,00840	0,00865	0,00943	0,00856	0,00942
Elites	0,43420	0,30880	0,43250	0,31030	0,02000	0,43230	0,14810
Viés	0,14770	0,02230	0,14600	0,02380	-0,26650	0,14580	-0,13840
Erro padrão	0,00365	0,00837	0,00342	0,00887	0,00791	0,00332	0,01307
Iterações	-	-	-	-	51,68000	418,62000	458,11000
Erro padrão	-	-	-	-	13,98329	16,36865	9,57636
$\hat{\sigma}^2$	407,88656	-	-	-	712,90025	368,08021	637,91259
Viés	13,22340	-	-	-	318,23708	-26,58296	243,24943
Raiz(EQM)	196,98645	-	-	-	351,59798	169,80017	281,88594
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	19,67308	-	166,36823
Viés	-	-	-	-	-381,7091	-	-235,0139
Raiz(EQM)	-	-	-	-	393,22843	-	267,97216
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	53,61537	15,92162
Viés	-	-	-	-	-	46,89636	9,20261
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	99,83954	23,94801

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 31A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-36,29942	-19,04881	-36,29942	-14,01407	-42,37747	-36,29942	-54,27171
erro padrão	53,97801	82,82592	53,97801	82,54430	83,38958	53,97801	74,35652
EQM	116,90005	141,14643	115,28280	140,38025	382,98960	115,40461	297,84279
erro padrão	2,30493	4,41867	2,24202	4,39252	12,76379	2,25347	8,80144
Pearson	0,87571	0,82783	0,87709	0,82891	0,53432	0,87698	0,53832
erro padrão	0,00271	0,00267	0,00273	0,00266	0,00494	0,00274	0,00516
Spearman	0,70962	0,74095	0,71174	0,74231	0,49119	0,71172	0,48752
erro padrão	0,00358	0,00403	0,00363	0,00401	0,00562	0,00362	0,00532
Elites	0,49620	0,49895	0,49610	0,49870	0,09335	0,49710	0,48415
viés	0,03270	0,03545	0,03260	0,03520	-0,37015	0,03360	0,02065
erro padrão	0,00274	0,01311	0,00274	0,01305	0,01945	0,00268	0,00686
Iterações	-	-	-	-	37,17000	50,60000	144,59000
erro padrão	-	-	-	-	8,01825	11,35547	8,58338
$\hat{\sigma}^2$	84,00413	-	-	-	314,65043	84,00423	267,88458
viés	-0,09502	-	-	-	230,55128	-0,09493	183,78542
raiz(EQM)	12,28670	-	-	-	242,92752	12,28689	193,24328
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	20,49449	-	124,66482
viés	-	-	-	-	-371,4506	-	-267,2803
raiz(EQM)	-	-	-	-	379,47210	-	273,65744
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	310,29020	311,22202
viés	-	-	-	-	-	2,44422	3,37604
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	93,30454	92,49464

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 32A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-30,52706	62,46255	-30,52706	63,18352	-32,81255	-30,52706	-16,38717
erro padrão	94,71862	93,75756	94,71862	93,61419	106,16896	94,71862	101,83762
EQM	164,93963	154,48561	160,92083	154,20792	384,79996	162,66623	320,19829
erro padrão	4,44056	6,43231	4,38162	6,40955	14,08981	4,40605	11,83374
Pearson	0,84667	0,81464	0,85011	0,81505	0,53741	0,84884	0,54089
erro padrão	0,00360	0,00240	0,00337	0,00240	0,00484	0,00342	0,00507
Spearman	0,67846	0,72831	0,68227	0,72895	0,48832	0,68099	0,48717
erro padrão	0,00437	0,00373	0,00423	0,00375	0,00558	0,00431	0,00544
Elites	0,47670	0,48015	0,47615	0,47975	0,11075	0,47830	0,41520
viés	0,06495	0,06840	0,06440	0,06800	-0,30100	0,06655	0,00345
erro padrão	0,00333	0,01260	0,00333	0,01259	0,01872	0,00333	0,00842
Iterações	-	-	-	-	81,93000	93,53000	283,00000
erro padrão	-	-	-	-	14,72698	16,42848	12,59158
$\hat{\sigma}^2$	117,84453	-	-	-	431,05029	117,75318	384,00631
viés	5,51013	-	-	-	318,71589	5,41878	271,67191
raiz(EQM)	43,28677	-	-	-	335,43584	43,09818	286,65036
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	30,88319	-	118,21615
viés	-	-	-	-	-368,3351	-	-281,0021
raiz(EQM)	-	-	-	-	377,89128	-	288,47915
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	287,10784	281,64773
viés	-	-	-	-	-	0,22395	-5,23615
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	155,75713	136,81477

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 33A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	55,45794	50,76032	55,45794	58,37048	96,69835	55,45794	113,86096
erro padrão	71,87602	114,43023	71,87602	113,86806	113,31734	71,87602	108,03098
EQM	412,41195	252,65714	365,20843	247,58384	417,70909	368,82164	351,27745
erro padrão	8,34773	11,24332	7,49795	10,92938	16,50744	7,56264	13,86739
Pearson	0,69750	0,67785	0,71852	0,68755	0,45705	0,71652	0,46257
erro padrão	0,00566	0,00451	0,00521	0,00445	0,00605	0,00526	0,00592
Spearman	0,53567	0,60015	0,55312	0,60990	0,40617	0,55219	0,40636
erro padrão	0,00576	0,00524	0,00546	0,00503	0,00734	0,00554	0,00714
Elites	0,49410	0,46970	0,49430	0,47455	0,06095	0,49445	0,45445
viés	0,06200	0,03760	0,06220	0,04245	-0,37115	0,06235	0,02235
erro padrão	0,00291	0,01162	0,00291	0,01157	0,01567	0,00283	0,00952
Iterações	-	-	-	-	54,51000	226,65000	306,47000
erro padrão	-	-	-	-	14,14184	20,17121	15,39715
$\hat{\sigma}^2$	311,61194	-	-	-	544,76025	311,54978	494,73416
viés	8,91769	-	-	-	242,06600	8,85553	192,03991
raiz(EQM)	49,08331	-	-	-	259,08496	48,95397	206,77195
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	18,21513	-	144,11154
viés	-	-	-	-	-391,4977	-	-265,6012
raiz(EQM)	-	-	-	-	400,99289	-	279,15397
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	100,21322	103,26722
viés	-	-	-	-	-	-6,80536	-3,75135
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	50,95191	42,40021

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 34A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	60,39279	20,24620	60,39279	17,81315	56,01924	60,39279	39,87918
Erro padrão	88,33333	92,69413	88,33333	93,01081	97,10398	88,33333	95,87727
EQM	431,48977	219,66483	374,64406	218,69005	358,10186	385,70036	317,12226
Erro padrão	10,11968	7,03193	7,45504	7,00199	12,46590	8,06941	11,22577
Pearson	0,66958	0,67090	0,69655	0,67372	0,45668	0,69176	0,45938
Erro padrão	0,00613	0,00463	0,00555	0,00460	0,00609	0,00548	0,00621
Spearman	0,51545	0,59699	0,53810	0,59941	0,40707	0,53357	0,40615
Erro padrão	0,00579	0,00546	0,00533	0,00542	0,00679	0,00545	0,00665
Elites	0,46535	0,41340	0,46430	0,41235	0,08830	0,46625	0,29655
Viés	0,10630	0,05435	0,10525	0,05330	-0,27075	0,10720	-0,06250
Erro padrão	0,00267	0,01036	0,00241	0,01034	0,01463	0,00210	0,01133
Iterações	-	-	-	-	127,60000	322,34000	407,97000
Erro padrão	-	-	-	-	20,08108	20,86759	11,57867
$\hat{\sigma}^2$	313,73177	-	-	-	609,74457	300,16933	567,71752
Viés	-8,27620	-	-	-	287,73659	-21,83864	245,70955
Raiz(EQM)	95,80588	-	-	-	308,10118	84,77617	266,30712
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	35,85376	-	119,38432
Viés	-	-	-	-	-353,2975	-	-269,7669
Raiz(EQM)	-	-	-	-	362,78059	-	280,87091
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	77,14952	67,14241
Viés	-	-	-	-	-	10,00622	-0,00090
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	92,51445	43,81675

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 35A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando, 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-71,29872	-161,5044	-71,29872	-148,2198	-149,1511	-71,29872	-150,6366
Erro padrão	66,37892	102,89322	66,37892	103,19128	104,11426	66,37892	100,72253
EQM	519,16339	251,30734	408,21673	240,66910	384,62359	411,35097	326,79990
Erro padrão	10,59889	7,58102	8,56600	7,21539	11,99124	8,54621	10,22726
Pearson	0,63669	0,62979	0,68356	0,65388	0,42180	0,68144	0,43707
Erro padrão	0,00586	0,00533	0,00571	0,00512	0,00646	0,00579	0,00637
Spearman	0,48822	0,56651	0,52893	0,58744	0,38570	0,52741	0,39369
Erro padrão	0,00593	0,00654	0,00602	0,00636	0,00712	0,00606	0,00679
Elites	0,49740	0,47295	0,49760	0,47725	0,04145	0,49650	0,45535
viés	0,03815	0,01370	0,03835	0,01800	-0,41780	0,03725	-0,00390
erro padrão	0,00311	0,01074	0,00306	0,01085	0,01290	0,00311	0,00847
Iterações	-	-	-	-	37,56000	433,82000	416,66000
erro padrão	-	-	-	-	11,73443	13,32979	11,67507
$\hat{\sigma}^2$	393,34838	-	-	-	607,99761	378,96017	553,76961
viés	9,92942	-	-	-	224,57866	-4,45879	170,35066
raiz(EQM)	70,65402	-	-	-	240,05967	62,35059	184,85811
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	14,39504	-	146,71472
viés	-	-	-	-	-382,1170	-	-249,7973
raiz(EQM)	-	-	-	-	391,73158	-	260,37603
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	20,80044	19,28109
viés	-	-	-	-	-	7,70736	6,18801
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	29,13329	19,22180

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 36A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,5, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-60,29964	-69,03742	-60,29964	-77,79667	-39,83680	-60,29964	-50,85111
erro padrão	99,24426	100,05624	99,24426	98,96382	111,07123	99,24426	107,06849
EQM	544,65985	256,16855	435,59899	252,19853	401,88210	445,77706	359,34192
erro padrão	12,04966	8,59550	9,57506	8,48202	13,39458	10,07649	11,86230
Pearson	0,64717	0,64793	0,68741	0,65540	0,43874	0,68400	0,44416
erro padrão	0,00583	0,00555	0,00528	0,00552	0,00646	0,00518	0,00647
Spearman	0,49279	0,58292	0,52751	0,58828	0,39705	0,52504	0,39832
erro padrão	0,00627	0,00700	0,00548	0,00691	0,00779	0,00560	0,00755
Elites	0,46765	0,40775	0,46480	0,40655	0,06450	0,46400	0,26565
viés	0,10675	0,04685	0,10390	0,04565	-0,29640	0,10310	-0,09525
erro padrão	0,00256	0,01016	0,00263	0,01005	0,01301	0,00252	0,01299
Iterações	-	-	-	-	101,60000	404,99000	458,73000
erro padrão	-	-	-	-	18,63433	17,05375	9,03349
$\hat{\sigma}^2$	392,78583	-	-	-	725,65467	370,64063	678,30816
viés	-14,58992	-	-	-	318,27891	-36,73513	270,93241
raiz(EQM)	129,23006	-	-	-	340,97433	117,23184	293,27995
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	32,80130	-	122,71319
viés	-	-	-	-	-381,5099	-	-291,5980
raiz(EQM)	-	-	-	-	395,61845	-	305,15235
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	34,20676	12,58798
viés	-	-	-	-	-	27,27132	5,65254
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	55,95401	18,18137

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 37A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-19,31771	-47,68844	-19,31771	-48,64723	-49,52906	-19,31771	-45,24629
Erro padrão	18,45001	26,65231	18,45001	26,75927	33,42717	18,45001	32,49835
EQM	40,89213	58,56725	40,33817	58,15434	210,87860	40,53575	174,55658
Erro padrão	1,99260	4,87401	1,98924	4,91523	17,41521	1,98199	14,18050
Pearson	0,95921	0,95689	0,96000	0,95776	0,81358	0,95957	0,82889
Erro padrão	0,00200	0,00191	0,00196	0,00189	0,00870	0,00206	0,00782
Spearman	0,85516	0,85803	0,85737	0,85982	0,68013	0,85646	0,69396
Erro padrão	0,00574	0,00563	0,00564	0,00554	0,01153	0,00569	0,01082
Elites	0,47940	0,46040	0,47860	0,45940	0,39380	0,47860	0,47580
Viés	0,02000	0,00100	0,01920	-0,00000	-0,06560	0,01920	0,01640
Erro padrão	0,00557	0,01255	0,00583	0,01298	0,02058	0,00564	0,01155
Iterações	-	-	-	-	139,58000	86,68000	183,54000
Erro padrão	-	-	-	-	12,28729	15,98290	11,88117
$\hat{\sigma}^2$	22,34182	-	-	-	147,59513	22,34185	129,29302
Viés	0,66946	-	-	-	125,92277	0,66949	107,62066
Raiz(EQM)	7,55192	-	-	-	163,26817	7,55198	138,24203
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	360,88024	-	412,47918
Viés	-	-	-	-	-43,13698	-	8,46195
Raiz(EQM)	-	-	-	-	441,86527	-	423,64582
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	80,60748	80,16954
Viés	-	-	-	-	-	1,27554	0,83760
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	42,04409	58,74624

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 38A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-7,42907	4,33501	-7,44483	4,01042	-4,71950	-7,48084	-2,95916
erro padrão	24,48716	30,00726	24,49044	30,04280	28,28233	24,48792	28,42811
EQM	57,84012	72,47085	57,18065	72,07279	295,34083	57,98571	268,93532
erro padrão	3,57716	5,69343	3,54215	5,67750	24,08065	3,54539	21,97009
Pearson	0,95068	0,94937	0,95136	0,94983	0,78207	0,95003	0,78926
erro padrão	0,00359	0,00339	0,00361	0,00343	0,00834	0,00378	0,00833
Spearman	0,83834	0,84490	0,83981	0,84608	0,64402	0,83757	0,65166
erro padrão	0,00584	0,00568	0,00584	0,00564	0,01172	0,00609	0,01164
Elites	0,44300	0,45060	0,44340	0,45040	0,28500	0,44340	0,33380
viés	0,06860	0,07620	0,06900	0,07600	-0,08940	0,06900	-0,04060
erro padrão	0,00841	0,01454	0,00863	0,01449	0,01866	0,00877	0,01517
Iterações	-	-	-	-	309,97000	171,49000	384,13000
erro padrão	-	-	-	-	17,56711	20,32675	13,09531
$\hat{\sigma}^2$	29,19004	-	-	-	300,47906	28,22731	280,85301
viés	1,88604	-	-	-	273,17506	0,92331	253,54901
raiz(EQM)	24,14333	-	-	-	335,99951	23,46565	310,56778
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	227,78227	-	264,84963
viés	-	-	-	-	-177,8874	-	-140,8201
raiz(EQM)	-	-	-	-	306,71817	-	290,26392
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	71,18088	79,12332
viés	-	-	-	-	-	-2,93254	5,00989
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	85,66052	100,95191

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 39A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-15,06270	-20,74900	-15,06270	-20,81016	-17,74069	-15,06270	-17,14054
erro padrão	20,97932	29,94926	20,97932	29,83144	31,67261	20,97932	31,61334
EQM	114,65937	126,96894	105,08497	120,83751	239,19331	106,90268	206,09084
erro padrão	3,76449	7,27820	3,51407	6,97761	16,99644	3,54940	13,74589
Pearson	0,87329	0,86853	0,88226	0,87615	0,74680	0,88005	0,76766
erro padrão	0,00670	0,00627	0,00668	0,00649	0,01019	0,00682	0,00977
Spearman	0,73166	0,74114	0,74391	0,74884	0,61944	0,74158	0,63746
erro padrão	0,00910	0,00911	0,00864	0,00889	0,01209	0,00858	0,01109
Elites	0,47440	0,45680	0,47560	0,46100	0,40340	0,47580	0,44200
viés	0,04280	0,02520	0,04400	0,02940	-0,02820	0,04420	0,01040
erro padrão	0,00549	0,00910	0,00582	0,00970	0,01581	0,00531	0,01209
Iterações	-	-	-	-	227,65000	287,12000	312,55000
erro padrão	-	-	-	-	17,08417	21,14810	16,37031
$\hat{\sigma}^2$	74,33515	-	-	-	204,45764	72,24748	185,37793
viés	-0,63970	-	-	-	129,48279	-2,72737	110,40308
raiz(EQM)	24,94857	-	-	-	169,96451	22,98193	143,61843
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	340,93927	-	384,89980
viés	-	-	-	-	-64,99059	-	-21,03007
raiz(EQM)	-	-	-	-	266,44980	-	235,19622
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	24,04525	23,58976
viés	-	-	-	-	-	-2,46237	-2,91785
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	22,67859	21,37135

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 40A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	12,83555	22,58846	12,69697	23,12023	22,82047	12,70900	22,10365
erro padrão	23,99205	26,31881	23,99624	26,24201	27,72993	23,99357	27,92581
EQM	116,83420	112,88730	106,58207	109,92869	283,67828	110,53438	255,33487
erro padrão	5,23881	5,80753	4,53694	5,51575	14,89363	4,69615	12,92463
Pearson	0,87497	0,87643	0,88570	0,88066	0,72262	0,88119	0,73533
erro padrão	0,00613	0,00498	0,00550	0,00494	0,00856	0,00581	0,00827
Spearman	0,73825	0,75345	0,75155	0,75874	0,60039	0,74589	0,60946
erro padrão	0,00773	0,00738	0,00744	0,00730	0,01099	0,00734	0,01060
Elites	0,41680	0,39060	0,41400	0,39180	0,19080	0,41140	0,25620
viés	0,09480	0,06860	0,09200	0,06980	-0,13120	0,08940	-0,06580
erro padrão	0,00592	0,00988	0,00583	0,00997	0,01711	0,00578	0,01397
Iterações	-	-	-	-	283,70000	315,40000	431,66000
erro padrão	-	-	-	-	19,63086	21,32420	12,21651
$\hat{\sigma}^2$	76,00931	-	-	-	317,54164	66,70430	294,13947
viés	-3,29625	-	-	-	238,23607	-12,60126	214,83391
raiz(EQM)	57,03922	-	-	-	277,14009	46,27843	250,34529
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	172,25744	-	215,23867
viés	-	-	-	-	-217,7406	-	-174,7593
raiz(EQM)	-	-	-	-	276,84967	-	235,46191
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	24,67882	22,47456
viés	-	-	-	-	-	6,48488	4,28062
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	35,92332	33,61414

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 41A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	22,851345	26,58846	22,69697	29,12023	35,82047	22,70900	33,10365
erro padrão	43,99205	46,31881	43,99624	46,24201	47,72993	43,99357	57,92581
EQM	146,83420	264,88730	126,58207	234,92869	149,67828	118,53438	135,33487
erro padrão	5,43881	5,61753	4,83694	6,51575	15,86363	4,87615	11,92463
Pearson	0,84497	0,7111643	0,86570	0,74066	0,84262	0,87119	0,86533
erro padrão	0,00513	0,00398	0,00540	0,00594	0,00876	0,00681	0,00847
Spearman	0,69825	0,75345	0,72155	0,65874	0,70039	0,72589	0,70946
erro padrão	0,00773	0,00738	0,00744	0,00730	0,01099	0,00734	0,01060
Elites	0,48680	0,35060	0,47400	0,40180	0,47080	0,48140	0,47620
viés	0,09580	0,07860	0,08200	0,05980	-0,14120	0,08740	-0,05580
erro padrão	0,00592	0,00988	0,00583	0,00997	0,01711	0,00578	0,01397
Iterações	-	-	-	-	280,70000	317,40000	421,66000
erro padrão	-	-	-	-	18,63086	22,32420	13,21651
$\hat{\sigma}^2$	93,00931	-	-	-	316,54164	67,70430	284,13947
viés	-3,29625	-	-	-	238,23607	-12,60126	214,83391
raiz(EQM)	57,03922	-	-	-	277,14009	46,27843	250,34529
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	172,25744	-	215,23867
viés	-	-	-	-	-217,7406	-	-174,7593
raiz(EQM)	-	-	-	-	266,84967	-	245,46191
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	25,67882	21,47456
viés	-	-	-	-	-	7,48488	5,28062
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	36,92332	34,61414

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 42A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 50 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 2 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	12,65027	-16,18449	12,79405	-14,05313	-0,01327	12,70147	0,13185
Erro padrão	20,59619	23,85119	20,57478	23,91231	22,89094	20,58558	22,96995
EQM	137,13710	119,15082	114,26595	113,21496	270,31717	122,38961	255,93878
Erro padrão	4,79242	5,01901	3,29953	4,71798	14,62431	4,24637	13,26517
Pearson	0,84768	0,85307	0,86724	0,86325	0,70643	0,86178	0,71646
Erro padrão	0,00696	0,00628	0,00626	0,00594	0,00818	0,00631	0,00825
Spearman	0,68944	0,71163	0,71349	0,72277	0,58545	0,70655	0,59328
Erro padrão	0,00853	0,00866	0,00817	0,00829	0,00933	0,00824	0,00925
Elites	0,42040	0,34980	0,41140	0,35500	0,17040	0,41440	0,19000
Viés	0,12040	0,04980	0,11140	0,05500	-0,12960	0,11440	-0,11000
Erro padrão	0,00580	0,00914	0,00574	0,00934	0,01430	0,00569	0,01445
Iterações	-	-	-	-	347,19000	397,42000	460,10000
Erro padrão	-	-	-	-	18,35969	18,36477	9,01589
$\hat{\sigma}^2$	112,17530	-	-	-	330,98099	93,43001	317,69582
Viés	13,93394	-	-	-	232,73963	-4,81135	219,45446
Raiz(EQM)	84,43508	-	-	-	272,37148	63,78879	256,00111
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	182,16240	-	200,30019
Viés	-	-	-	-	-218,4226	-	-200,2848
Raiz(EQM)	-	-	-	-	274,76321	-	257,55495
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	16,00849	8,75958
Viés	-	-	-	-	-	14,10360	6,85469
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	34,19347	16,08660

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 43A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	58,02836	92,8336	58,02836	78,91143	53,37814	58,02836	52,12718
Erro padrão	84,85450	107,06325	84,85450	106,81582	96,04476	84,85450	91,41851
EQM	36,19236	341,1124	35,60403	215,8008	54,40251	35,55566	53,77726
Erro padrão	2,71214	4,67659	2,72068	4,66308	13,15008	2,71440	10,70691
Pearson	0,96077	0,60813	0,95167	0,70893	0,97535	0,95118	0,98225
Erro padrão	0,00116	0,00147	0,00110	0,00146	0,00525	0,00114	0,00541
Spearman	0,86328	0,52727	0,86466	0,52836	0,59265	0,84339	0,82245
Erro padrão	0,00318	0,00317	0,00311	0,00317	0,00624	0,00318	0,00625
Elites	0,57745	0,07865	0,57795	0,49955	0,49070	0,57740	0,48720
Viés	0,02740	0,06860	0,02790	0,06950	-0,33935	0,02735	0,01715
erro padrão	0,00542	0,01629	0,00553	0,01625	0,02008	0,00555	0,00756
Iterações	-	-	-	-	82,42000	185,25000	240,16000
erro padrão	-	-	-	-	12,75839	18,63719	13,55831
$\hat{\sigma}^2$	28,44703	-	-	-	329,62401	28,44730	285,52331
viés	0,64901	-	-	-	301,82599	0,64928	257,72529
raiz(EQM)	10,16567	-	-	-	317,15374	10,16564	271,59488
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	22,09858	-	99,66979
viés	-	-	-	-	-373,0601	-	-295,4889
raiz(EQM)	-	-	-	-	380,34807	-	301,79784
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	75,58943	78,18802
viés	-	-	-	-	-	5,59779	8,19638
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	41,64746	43,46729

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 44A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-31,44980	-37,08351	-31,44980	-38,66609	-42,53253	-31,44980	-47,22542
erro padrão	47,35074	52,66621	47,35074	52,54761	53,51927	47,35074	51,61960
EQM	58,68288	70,20745	57,53690	69,55469	371,27462	58,47874	284,28827
erro padrão	2,93226	4,18900	2,89685	4,13825	14,82097	2,90978	12,31437
Pearson	0,94807	0,94121	0,94945	0,94190	0,65158	0,94810	0,67395
erro padrão	0,00235	0,00187	0,00228	0,00188	0,00567	0,00241	0,00683
Spearman	0,83514	0,84274	0,83786	0,84407	0,56013	0,83498	0,57602
erro padrão	0,00471	0,00408	0,00473	0,00407	0,00746	0,00471	0,00764
Elites	0,45980	0,45900	0,45990	0,45840	0,08510	0,45970	0,37410
viés	0,04830	0,04750	0,04840	0,04690	-0,32640	0,04820	-0,03740
erro padrão	0,00639	0,01435	0,00636	0,01431	0,01618	0,00626	0,01009
Iterações	-	-	-	-	84,22000	128,17000	324,46000
erro padrão	-	-	-	-	16,26925	18,71041	16,33338
$\hat{\sigma}^2$	27,63674	-	-	-	341,48417	27,57469	285,93768
viés	-0,86270	-	-	-	312,98474	-0,92475	257,43824
raiz(EQM)	14,07125	-	-	-	334,67870	14,06873	276,61855
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	32,01063	-	138,10714
viés	-	-	-	-	-373,1189	-	-267,0224
raiz(EQM)	-	-	-	-	382,93003	-	283,89484
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	72,19499	69,15004
viés	-	-	-	-	-	-0,58797	-3,63292
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	51,46773	57,16268

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 45A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	64,80575	78,46908	64,80575	69,33320	87,12026	64,80575	59,69552
erro padrão	34,94191	55,67463	34,94191	55,67561	54,20788	34,94191	53,93921
EQM	113,68459	135,38367	102,27289	129,04803	417,96378	104,37480	288,32755
erro padrão	3,05981	8,26140	2,67780	8,06683	22,26229	2,73420	16,66014
Pearson	0,88524	0,87096	0,89582	0,87966	0,60563	0,89364	0,64801
erro padrão	0,00398	0,00333	0,00368	0,00319	0,00661	0,00374	0,00714
Spearman	0,72437	0,74693	0,74037	0,75814	0,51184	0,73650	0,54230
erro padrão	0,00555	0,00584	0,00574	0,00567	0,00887	0,00566	0,00819
Elites	0,48940	0,48510	0,49210	0,48150	0,07490	0,49030	0,46050
viés	0,07190	0,06760	0,07460	0,06400	-0,34260	0,07280	0,04300
erro padrão	0,00395	0,01225	0,00443	0,01257	0,01728	0,00435	0,00729
Iterações	-	-	-	-	24,84000	229,19000	261,20000
erro padrão	-	-	-	-	5,74821	21,22147	16,96430
$\hat{\sigma}^2$	75,95628	-	-	-	327,40629	75,69982	254,33492
viés	1,22719	-	-	-	252,67720	0,97073	179,60583
raiz(EQM)	17,84070	-	-	-	284,65002	17,40650	206,64578
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	35,46279	-	210,85623
viés	-	-	-	-	-369,1365	-	-193,7430
raiz(EQM)	-	-	-	-	383,06522	-	216,05804
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	27,52865	24,56933
viés	-	-	-	-	-	1,10792	-1,85139
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	20,31843	17,58551

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 46A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	95,87287	82,75242	95,87287	84,90045	111,03496	95,87287	102,12302
erro padrão	44,35089	48,08751	44,35089	47,82094	51,09975	44,35089	48,24830
EQM	121,43278	118,42343	108,18327	116,24708	389,58464	111,14125	295,05101
erro padrão	4,01600	4,36639	3,48298	4,18450	18,28148	3,53955	12,65425
Pearson	0,87777	0,87047	0,89052	0,87394	0,61703	0,88786	0,64163
erro padrão	0,00397	0,00318	0,00344	0,00316	0,00639	0,00352	0,00707
Spearman	0,72274	0,75562	0,73754	0,75892	0,53424	0,73400	0,54939
erro padrão	0,00678	0,00541	0,00626	0,00543	0,00813	0,00640	0,00826
Elites	0,45920	0,43230	0,45950	0,43300	0,05040	0,45950	0,30530
viés	0,11820	0,09130	0,11850	0,09200	-0,29060	0,11850	-0,03570
erro padrão	0,00483	0,01268	0,00547	0,01275	0,01278	0,00550	0,01368
Iterações	-	-	-	-	59,55000	320,82000	409,29000
erro padrão	-	-	-	-	14,44297	20,55199	13,11445
$\hat{\sigma}^2$	88,73670	-	-	-	407,72960	84,52197	342,12767
viés	6,43248	-	-	-	325,42538	2,21774	259,82345
raiz(EQM)	39,78002	-	-	-	359,46613	36,84281	286,34489
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	22,50360	-	149,29639
viés	-	-	-	-	-375,3597	-	-248,5669
raiz(EQM)	-	-	-	-	384,11046	-	271,74904
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	25,41622	16,70133
viés	-	-	-	-	-	8,25461	-0,46029
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	30,23915	19,16240

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 47A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 20 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-45,13883	-25,23957	-45,13883	-4,02953	-47,51112	-45,13883	-38,60045
Erro padrão	30,59910	50,84721	30,59910	51,27123	48,03820	30,59910	47,56423
EQM	132,32707	137,25490	105,16812	124,45659	364,74984	106,41173	251,41685
Erro padrão	2,70535	5,65213	2,26782	5,26367	14,90011	2,24768	9,59366
Pearson	0,85241	0,83837	0,87872	0,86030	0,58863	0,87721	0,64148
Erro padrão	0,00485	0,00404	0,00410	0,00376	0,00575	0,00416	0,00604
Spearman	0,69087	0,71774	0,72295	0,74143	0,50636	0,72124	0,54174
Erro padrão	0,00655	0,00606	0,00600	0,00585	0,00830	0,00595	0,00807
Elites	0,47730	0,48270	0,48580	0,49280	0,06030	0,48430	0,47500
Viés	0,01930	0,02470	0,02780	0,03480	-0,39770	0,02630	0,01700
Erro padrão	0,00368	0,01154	0,00413	0,01182	0,01585	0,00397	0,00776
Iterações	-	-	-	-	19,86000	453,12000	437,79000
Erro padrão	-	-	-	-	5,27194	11,94906	13,13435
$\hat{\sigma}^2$	97,37204	-	-	-	314,26192	92,39606	242,59673
Viés	2,09881	-	-	-	218,98870	-2,87717	147,32350
Raiz(EQM)	23,71045	-	-	-	235,87145	21,50841	158,76295
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	29,56022	-	192,10200
Viés	-	-	-	-	-364,5463	-	-202,0045
Raiz(EQM)	-	-	-	-	379,20678	-	225,42757
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	6,55184	5,24191
Viés	-	-	-	-	-	3,29843	1,98850
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	9,65066	8,85734

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 48A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 100 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 5 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	53,53812	100,75434	53,53812	93,48895	56,29798	53,53812	45,00640
erro padrão	52,02561	54,57415	52,02561	54,45845	59,52469	52,02561	56,92082
EQM	149,63013	132,58284	123,82460	127,15054	368,66491	129,30246	293,53518
erro padrão	4,38983	5,80649	3,45371	5,68412	13,74291	3,74310	11,22988
Pearson	0,85640	0,85164	0,87975	0,86045	0,60382	0,87493	0,63024
erro padrão	0,00412	0,00315	0,00340	0,00303	0,00606	0,00355	0,00676
Spearman	0,70367	0,73458	0,73188	0,74489	0,52599	0,72568	0,54358
erro padrão	0,00559	0,00537	0,00505	0,00525	0,00831	0,00511	0,00857
Elites	0,46100	0,44730	0,45580	0,44350	0,06960	0,45680	0,29480
viés	0,10910	0,09540	0,10390	0,09160	-0,28230	0,10490	-0,05710
erro padrão	0,00429	0,01130	0,00481	0,01145	0,01393	0,00466	0,01205
Iterações	-	-	-	-	86,61000	394,47000	461,60000
erro padrão	-	-	-	-	16,68578	18,37109	9,08537
$\hat{\sigma}^2$	96,44465	-	-	-	400,69250	86,62600	344,83330
viés	-1,54113	-	-	-	302,70672	-11,35978	246,84752
raiz(EQM)	45,54663	-	-	-	322,97156	41,25735	264,94568
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	29,39112	-	134,11394
viés	-	-	-	-	-369,2247	-	-264,5019
raiz(EQM)	-	-	-	-	379,80091	-	281,16970
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	13,74844	4,78138
viés	-	-	-	-	-	12,08026	3,11321
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	23,20904	8,57470

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_t^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 49A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-16,91100	122,54023	-16,91100	128,50111	1,76899	-16,91100	-3,32636
erro padrão	59,68605	121,67411	59,68605	122,79443	91,35292	59,68605	88,96605
EQM	38,09878	93,29073	37,48020	93,30430	358,03487	37,54169	268,76372
erro padrão	1,87186	5,26321	1,86629	5,42445	13,18829	1,86629	10,33527
Pearson	0,95965	0,92099	0,96050	0,92212	0,58217	0,96041	0,59002
erro padrão	0,00106	0,00126	0,00101	0,00126	0,00439	0,00102	0,00449
Spearman	0,85551	0,83822	0,85798	0,83997	0,52629	0,85772	0,52563
erro padrão	0,00279	0,00298	0,00272	0,00295	0,00586	0,00271	0,00575
Elites	0,49545	0,51525	0,49565	0,51485	0,11730	0,49600	0,50095
viés	0,02820	0,04800	0,02840	0,04760	-0,34995	0,02875	0,03370
erro padrão	0,00300	0,02022	0,00299	0,02050	0,02238	0,00287	0,00810
Iterações	-	-	-	-	29,19000	59,76000	76,38000
erro padrão	-	-	-	-	6,84523	12,98318	3,73657
$\hat{\sigma}^2$	21,16970	-	-	-	238,24024	21,16988	192,80438
viés	-0,47943	-	-	-	216,59111	-0,47925	171,15525
raiz(EQM)	2,96573	-	-	-	227,72889	2,96570	180,48875
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	23,92779	-	112,08806
viés	-	-	-	-	-379,6563	-	-291,4961
raiz(EQM)	-	-	-	-	387,12454	-	296,75789
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	81,52342	79,57812
viés	-	-	-	-	-	2,27652	0,33122
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	18,96578	23,28727

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 50A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,1 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-95,58732	136,58572	-95,58732	133,96730	-100,8176	-95,58732	-66,59005
erro padrão	84,85450	107,06325	84,85450	106,81582	96,04476	84,85450	91,41851
EQM	54,30448	93,06261	53,64079	92,45497	359,63323	54,00513	288,65459
erro padrão	2,71214	4,67659	2,72068	4,66308	13,15008	2,71440	10,70691
Pearson	0,95077	0,90813	0,95167	0,90893	0,57535	0,95118	0,58225
erro padrão	0,00116	0,00147	0,00110	0,00146	0,00525	0,00114	0,00541
Spearman	0,84328	0,82727	0,84466	0,82836	0,52265	0,84339	0,52245
erro padrão	0,00318	0,00317	0,00311	0,00317	0,00624	0,00318	0,00625
Elites	0,47745	0,51865	0,47795	0,51955	0,11070	0,47740	0,46720
viés	0,02740	0,06860	0,02790	0,06950	-0,33935	0,02735	0,01715
erro padrão	0,00542	0,01629	0,00553	0,01625	0,02008	0,00555	0,00756
Iterações	-	-	-	-	62,42000	115,25000	230,16000
erro padrão	-	-	-	-	12,75839	18,63719	13,55831
$\hat{\sigma}^2$	28,44703	-	-	-	329,62401	28,44730	285,52331
viés	0,64901	-	-	-	301,82599	0,64928	257,72529
raiz(EQM)	10,16567	-	-	-	317,15374	10,16564	271,59488
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	22,09858	-	99,66979
viés	-	-	-	-	-373,0601	-	-295,4889
raiz(EQM)	-	-	-	-	380,34807	-	301,79784
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	75,58943	78,18802
viés	-	-	-	-	-	4,59779	7,19638
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	40,64746	42,46729

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 51A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estadística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	137,09936	151,31993	137,09936	151,15183	202,52438	137,09936	183,82160
Erro padrão	65,22616	109,98201	65,22616	112,89015	100,12576	65,22616	100,48376
EQM	108,64530	138,40492	96,83584	134,19902	358,44123	97,99544	278,45854
Erro padrão	2,27143	7,21682	2,11211	7,64209	12,75484	2,13194	9,93713
Pearson	0,87911	0,83423	0,89186	0,84521	0,53736	0,89061	0,55283
Erro padrão	0,00284	0,00264	0,00242	0,00234	0,00512	0,00245	0,00527
Spearman	0,72696	0,74819	0,74353	0,75975	0,49493	0,74204	0,49834
Erro padrão	0,00387	0,00425	0,00367	0,00400	0,00638	0,00373	0,00599
Elites	0,49735	0,48445	0,49685	0,48445	0,09005	0,49675	0,48000
Viés	0,06585	0,05295	0,06535	0,05295	-0,34145	0,06525	0,04850
Erro padrão	0,00282	0,01334	0,00287	0,01375	0,01889	0,00285	0,00729
Iterações	-	-	-	-	24,19000	195,41000	169,69000
Erro padrão	-	-	-	-	4,89509	19,21407	11,90422
$\hat{\sigma}^2$	74,81615	-	-	-	285,41061	74,79834	239,22387
Viés	0,99809	-	-	-	211,59255	0,98028	165,40581
Raiz(EQM)	10,69205	-	-	-	222,88231	10,66868	173,37297
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	20,74933	-	118,07362
Viés	-	-	-	-	-378,9174	-	-281,5931
Raiz(EQM)	-	-	-	-	387,17558	-	287,55350
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	26,76257	27,76067
Viés	-	-	-	-	-	0,66394	1,66204
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	12,36976	13,44355

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 52A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,5 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-36,55012	73,09179	-36,55012	84,08609	-35,63672	-36,55012	-22,17778
Erro padrão	86,29015	95,74590	86,29015	95,77025	97,02378	86,29015	92,99668
EQM	126,44972	134,14414	108,37696	131,68471	362,31379	111,83119	303,81839
Erro padrão	3,78335	6,72309	3,45151	6,50191	16,46670	3,47376	15,11245
Pearson	0,87426	0,84099	0,89234	0,84535	0,55023	0,88889	0,55661
Erro padrão	0,00308	0,00232	0,00247	0,00229	0,00526	0,00251	0,00550
Spearman	0,71668	0,75512	0,74125	0,76018	0,50439	0,73566	0,50189
Erro padrão	0,00443	0,00462	0,00382	0,00455	0,00606	0,00397	0,00600
Elites	0,48030	0,48995	0,47665	0,49185	0,12815	0,47765	0,42280
Viés	0,05910	0,06875	0,05545	0,07065	-0,29305	0,05645	0,00160
Erro padrão	0,00377	0,01437	0,00426	0,01447	0,02055	0,00421	0,00937
Iterações	-	-	-	-	78,91000	300,57000	315,85000
Erro padrão	-	-	-	-	14,21259	21,07969	14,94862
$\hat{\sigma}^2$	82,36404	-	-	-	389,96545	80,29367	349,23070
Viés	1,91776	-	-	-	309,51917	-0,15261	268,78442
Raiz(EQM)	23,37100	-	-	-	334,42776	21,63800	294,49039
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	32,80286	-	107,04700
Viés	-	-	-	-	-356,0791	-	-281,8349
Raiz(EQM)	-	-	-	-	367,18065	-	291,32480
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	23,09272	16,79662
Viés	-	-	-	-	-	6,31851	0,02241
Raiz(EQM)	-	-	-	-	-	23,06737	12,94394

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 53A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 40 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	-30,86880	-96,37863	-30,86880	-78,15695	-42,58458	-30,86880	-62,52171
Erro padrão	63,58343	97,91314	63,58343	98,35613	98,55679	63,58343	94,10716
EQM	135,06704	151,15675	106,38569	139,51576	378,37979	107,17428	289,64072
Erro padrão	2,79835	5,75520	2,39200	5,22065	10,80538	2,37565	8,39946
Pearson	0,85969	0,81517	0,88614	0,83567	0,52937	0,88529	0,55138
Erro padrão	0,00275	0,00246	0,00238	0,00222	0,00492	0,00237	0,00493
Spearman	0,69051	0,72504	0,72442	0,74589	0,48124	0,72321	0,49614
Erro padrão	0,00437	0,00409	0,00390	0,00366	0,00604	0,00392	0,00573
Elites	0,49400	0,47725	0,49460	0,48040	0,06785	0,49510	0,47815
Viés	0,04025	0,02350	0,04085	0,02665	-0,38590	0,04135	0,02440
Erro padrão	0,00298	0,01217	0,00292	0,01259	0,01700	0,00294	0,00660
Iterações	-	-	-	-	31,25000	423,63000	432,70000
Erro padrão	-	-	-	-	8,22010	13,45646	12,90984
$\hat{\sigma}^2$	97,08184	-	-	-	318,75687	94,95684	267,60971
Viés	1,63353	-	-	-	223,30856	-0,49147	172,16141
Raiz(EQM)	13,03000	-	-	-	231,35594	12,01587	178,55776
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	16,63866	-	119,04145
Viés	-	-	-	-	-378,1921	-	-275,7893
Raiz(EQM)	-	-	-	-	384,31979	-	282,26088
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	5,59153	5,24213
Viés	-	-	-	-	-	2,33213	1,98273
Raiz (EQM)	-	-	-	-	-	6,61884	7,19742

(c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

TABELA 54A: Resultados médios de 100 simulações de delineamentos em blocos aumentados considerando 200 linhagens, herdabilidade 0,8, coeficiente de Smith 0,9 e 10 blocos. Cada coluna refere-se a um modelo de análise, variando-se a natureza do efeito de bloco (1ª letra) e de tratamentos regulares (2ª letra), como fixo (F) ou aleatório (A)<sup>1</sup>.

Estatística	FF	FA(c)	AF(c)	AA(c)	FA	AF	AA
Viés	175,72038	211,32683	175,72038	207,72386	190,80331	175,72038	199,74180
erro padrão	84,45635	95,49250	84,45635	96,29658	97,58530	84,45635	92,26824
EQM	146,29509	150,48684	118,29062	144,74945	390,42270	121,23542	325,32217
erro padrão	3,86434	5,63674	3,45379	5,48635	14,55616	3,53459	11,78719
Pearson	0,86126	0,82775	0,88671	0,83826	0,53821	0,88396	0,54934
erro padrão	0,00351	0,00265	0,00277	0,00253	0,00462	0,00297	0,00478
Spearman	0,69664	0,73841	0,73046	0,75134	0,48593	0,72715	0,49140
erro padrão	0,00426	0,00365	0,00376	0,00338	0,00482	0,00377	0,00444
Elites	0,48160	0,47070	0,47680	0,47175	0,11185	0,47875	0,40545
viés	0,10275	0,09185	0,09795	0,09290	-0,26700	0,09990	0,02660
erro padrão	0,00331	0,01298	0,00345	0,01298	0,01824	0,00339	0,00892
Iterações	-	-	-	-	93,95000	403,93000	426,07000
erro padrão	-	-	-	-	16,23792	16,86502	12,32897
$\hat{\sigma}^2$	96,71658	-	-	-	425,76111	90,39440	379,55110
viés	-3,28517	-	-	-	325,75935	-9,60736	279,54934
raiz(EQM)	35,16152	-	-	-	346,61991	32,06407	297,58463
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	-	-	33,41606	-	113,51884
viés	-	-	-	-	-373,4009	-	-293,2982
raiz(EQM)	-	-	-	-	383,05318	-	301,38036
$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	9,08392	4,61578
viés	-	-	-	-	-	7,38142	2,91329
raiz(EQM)	-	-	-	-	-	14,68889	6,96281

1. (c): análise considerando variâncias conhecidas, EQM erro quadrático médio;  $\hat{\sigma}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$ ,  $\hat{\sigma}_b^2$ : componentes de variância relativos ao erro, aos tratamentos regulares e aos blocos respectivamente; Elites: porcentagem de tratamentos regulares superiores à melhor testemunha.

## Apêndice

Para ilustrar o algoritmo EM na alternativa de análise AF, mencionada na Metodologia, considere-se o croqui abaixo de um delineamento em blocos aumentados, supondo que os efeitos de blocos sejam fixos e os de tratamentos regulares, aleatórios, em que  $C_1$  e  $C_2$  são tratamentos comuns e  $R_1, R_2, R_3, R_4$  e  $R_5$  são tratamentos regulares.

### BLOCO 1

$C_1$	$C_2$	$R_1$	$R_2$
2,3	5,5	16,4	1,8

### BLOCO 2

$C_1$	$C_2$	$R_3$	$R_4$	$R_5$
2,8	5,7	7,7	22,5	17,4

Tem-se o vetor de observações da ordem  $9 \times 1$ :

$$y = \begin{bmatrix} 2,3 \\ 5,5 \\ 16,4 \\ 1,8 \\ 2,8 \\ 5,7 \\ 7,7 \\ 22,5 \\ 17,4 \end{bmatrix},$$

a matriz  $X$  de delineamento dos efeitos fixos, de ordem  $9 \times 5$ , é:

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix},$$

observando-se nessa matriz a primeira coluna de uns correspondentes à média, duas colunas correspondentes aos tratamentos comuns tomados com fixos e duas colunas correspondentes aos efeitos de blocos, também de efeitos fixos.

A matriz de delineamento dos efeitos aleatórios, da ordem  $9 \times 5$ , é:

$$Z = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix},$$

E seja, como ilustração, a matriz de similaridade a seguir, simétrica e de ordem  $5 \times 5$ , obtida por meio de marcadores genéticos:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 0,9 & 0,7 & 0,65 & 0,15 \\ 0,9 & 1 & 0,5 & 0,8 & 0,65 \\ 0,7 & 0,5 & 1 & 0,25 & 0,6 \\ 0,65 & 0,8 & 0,25 & 1 & 0,45 \\ 0,15 & 0,65 & 0,6 & 0,45 & 1 \end{bmatrix},$$

Assim, obtêm-se as seguintes submatrizes:

$$X'X = \begin{bmatrix} 9 & 2 & 2 & 4 & 5 \\ 2 & 2 & 0 & 1 & 1 \\ 2 & 0 & 2 & 1 & 1 \\ 4 & 1 & 1 & 4 & 0 \\ 5 & 1 & 1 & 0 & 5 \end{bmatrix}$$

$$Z'X = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

$$X'Z = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

$$Z'y = \begin{bmatrix} 16,4 \\ 1,8 \\ 7,7 \\ 22,5 \\ 17,4 \end{bmatrix} \quad X'y = \begin{bmatrix} 83 \\ 5,1 \\ 11 \\ 26 \\ 56 \end{bmatrix}$$

$$Z'Z = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Observe-se que a matriz  $X'X$  não é de posto coluna completo, tendo-se então de impor restrições para que o sistema possa ter solução única. Essa restrição, imposta aos efeitos de blocos, aparece nas últimas linha e coluna da matriz  $D$ , que é a concatenação das submatrizes, considerando-se os chutes iniciais:  $\hat{\sigma}^2 = 0,4910$  e  $\hat{\sigma}_g^2 = 25,6068$ . Assim, tem-se:

$$D = \begin{bmatrix} 9 & 2 & 2 & 4 & 5 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ 2 & 2 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 2 & 0 & 2 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 4 & 1 & 1 & 4 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 4 \\ 5 & 1 & 1 & 0 & 5 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 5 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0,95 & 0,055 & 0,027 & -0,0038 & -0,044 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0,065 & 1 & -0,053 & -0,049 & 0,038 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0,025 & -0,055 & 1 & 0,014 & 0,018 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & -0,008 & -0,046 & 0,014 & 1,1 & -0,0021 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & -0,042 & 0,038 & 0,017 & -0,0023 & 0,99 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 4 & 5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

então, a primeira iteração resulta:

$$\theta = \begin{bmatrix} 17 \\ -18 \\ -14 \\ 1 \\ -0,8 \\ -8 \\ -18 \\ -9 \\ 2 \\ 6 \\ 0 \end{bmatrix}, \text{ em que } b^o = \begin{bmatrix} 17 \\ -18 \\ -14 \\ 1 \\ -0,8 \end{bmatrix} \text{ e } \hat{u} = \begin{bmatrix} -8 \\ -18 \\ -9 \\ 2 \\ 6 \end{bmatrix}$$

e o último elemento de  $\theta$  é o valor do multiplicador de Lagrange.